

IN THE UNITED STATES PATENT AND TRADEMARK OFFICE

IN RE APPLICATION OF: Masao TASAKA, et al.

GAU:

SERIAL NO: New Application

EXAMINER:

FILED: Herewith

FOR: A PROTEIN THAT HAS A FUNCTION OF MAINTAINING A MUTATION WHEREBY LATERAL
ROOT FORMATION IS BLOCKED AND A GENE ENCODING THE PROTEIN

REQUEST FOR PRIORITY

COMMISSIONER FOR PATENTS
ALEXANDRIA, VIRGINIA 22313

SIR:

- ☐ Full benefit of the filing date of U.S. Application Serial Number , filed , is claimed pursuant to the provisions of 35 U.S.C. §120.
- ☐ Full benefit of the filing date(s) of U.S. Provisional Application(s) is claimed pursuant to the provisions of 35 U.S.C. §119(e): Application No. Date Filed
- ☒ Applicants claim any right to priority from any earlier filed applications to which they may be entitled pursuant to the provisions of 35 U.S.C. §119, as noted below.

In the matter of the above-identified application for patent, notice is hereby given that the applicants claim as priority:

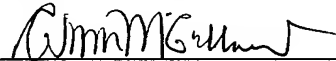
<u>COUNTRY</u>	<u>APPLICATION NUMBER</u>	<u>MONTH/DAY/YEAR</u>
Japan	2003-147765	May 26, 2003

Certified copies of the corresponding Convention Application(s)

- ☒ are submitted herewith
- ☐ will be submitted prior to payment of the Final Fee
- ☐ were filed in prior application Serial No. filed
- ☐ were submitted to the International Bureau in PCT Application Number
Receipt of the certified copies by the International Bureau in a timely manner under PCT Rule 17.1(a) has been acknowledged as evidenced by the attached PCT/IB/304.
- ☐ (A) Application Serial No.(s) were filed in prior application Serial No. filed ; and
- ☐ (B) Application Serial No.(s)
- ☐ are submitted herewith
- ☐ will be submitted prior to payment of the Final Fee

Respectfully Submitted,

OBLON, SPIVAK, McCLELLAND,
MAIER & NEUSTADT, P.C.



Norman F. Oblon

Registration No. 24,618

C. Irvin McClelland
Registration Number 21,124

Customer Number

22850

Tel. (703) 413-3000
Fax. (703) 413-2220
(OSMMN 05/03)

日 本 国 特 許 庁
JAPAN PATENT OFFICE

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office

出 願 年 月 日
Date of Application:

2003年 5月26日

出 願 番 号
Application Number:

特願2003-147765

[ST.10/C]:

[JP2003-147765]

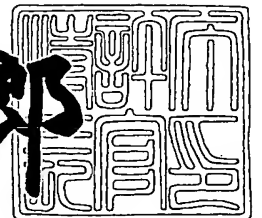
出 願 人
Applicant(s):

奈良先端科学技術大学院大学長

2003年 6月10日

特 許 庁 長 官
Commissioner,
Japan Patent Office

太田 信一郎



出証番号 出証特2003-3045238

【書類名】 特許願

【整理番号】 A000300899

【特記事項】 特許法第 3 0 条第 1 項の規定の適用を受けようとする特
許出願

【提出日】 平成15年 5月26日

【あて先】 特許庁長官 殿

【国際特許分類】 A01H 5/00
C12N 15/00

【発明の名称】 側根形成を阻害する突然変異を維持するタンパク質とそ
れをコードする遺伝子

【請求項の数】 10

【発明者】

 【住所又は居所】 奈良県生駒市真弓南 1 丁目 9 - 8

 【氏名】 田坂 昌生

【発明者】

 【住所又は居所】 奈良県生駒市高山町 8 9 1 6 - 5 大学宿舎 A - 5 0 2

 【氏名】 深城 英弘

【特許出願人】

 【識別番号】 598169457

 【氏名又は名称】 奈良先端科学技術大学院大学長

【代理人】

 【識別番号】 100058479

 【弁理士】

 【氏名又は名称】 鈴江 武彦

 【電話番号】 03-3502-3181

【選任した代理人】

 【識別番号】 100091351

 【弁理士】

 【氏名又は名称】 河野 哲

【選任した代理人】

【識別番号】 100088683

【弁理士】

【氏名又は名称】 中村 誠

【選任した代理人】

【識別番号】 100108855

【弁理士】

【氏名又は名称】 蔵田 昌俊

【選任した代理人】

【識別番号】 100075672

【弁理士】

【氏名又は名称】 峰 隆司

【選任した代理人】

【識別番号】 100109830

【弁理士】

【氏名又は名称】 福原 淑弘

【選任した代理人】

【識別番号】 100084618

【弁理士】

【氏名又は名称】 村松 貞男

【選任した代理人】

【識別番号】 100092196

【弁理士】

【氏名又は名称】 橋本 良郎

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 側根形成を阻害する突然変異を維持するタンパク質とそれをコードする遺伝子

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 側根を形成しないシロイヌナズナslr優性変異体に変異原処理を行ない、変異原処理したslr優性変異体の次世代の中から、slr優性変異体の有する形質を保持し側根形成を行なう個体を選抜することにより得られる、配列番号 3 に記載のSSL2ゲノム遺伝子の一以上の塩基に変異を有するシロイヌナズナ二重変異体ssl2 slr。

【請求項 2】 側根を形成しないシロイヌナズナslr優性変異体が、SSL2ゲノム遺伝子の一以上の塩基に更に変異を有することにより側根形成能力を回復させた、シロイヌナズナ二重変異体ssl2 slr。

【請求項 3】 側根を形成しないシロイヌナズナslr優性変異体が、以下の (A) ～ (D) からなる群より選択される一の変異をSSL2ゲノム遺伝子に更に有することにより側根形成能力を回復させた、シロイヌナズナ二重変異体ssl2 slr。

(A) 配列番号 3 に記載のSSL2ゲノム遺伝子の852番目の塩基GがAに置換した変異；

(B) 配列番号 3 に記載のSSL2ゲノム遺伝子の4734番目の塩基GがAに置換した変異；

(C) 配列番号 3 に記載のSSL2ゲノム遺伝子の1757番目の塩基GがAに置換した変異；および

(D) 配列番号 3 に記載のSSL2ゲノム遺伝子の1546番目の塩基GがAに置換した変異。

【請求項 4】 配列番号 1 に記載のSSL2遺伝子 (cDNA) の一以上の塩基に変異を有する変異遺伝子であって、該変異遺伝子の発現により、側根形成を阻害する突然変異体の表現型を回復させることが可能な変異遺伝子。

【請求項 5】 配列番号 3 に記載のSSL2ゲノム遺伝子の一以上の塩基に変異を有する変異遺伝子であって、該変異遺伝子の発現により、側根形成を阻害する

突然変異体の表現型を回復させることが可能な変異遺伝子。

【請求項 6】 以下の (a) ~ (c) からなる群より選択される、SSL2 遺伝子 (cDNA) の変異遺伝子：

(a) 配列番号 1 に記載の SSL2 遺伝子 (cDNA) の 566 番目の塩基 G が A に置換した変異遺伝子；

(b) 配列番号 1 に記載の SSL2 遺伝子 (cDNA) の 1005 番目の塩基 G が A に置換した変異遺伝子；および

(c) 配列番号 1 に記載の SSL2 遺伝子 (cDNA) の 901 番目の塩基 G が A に置換した変異遺伝子。

【請求項 7】 以下の (d) ~ (g) からなる群より選択される変異遺伝子：

(d) 配列番号 3 に記載の SSL2 ゲノム遺伝子の 852 番目の塩基 G が A に置換した変異遺伝子；

(e) 配列番号 3 に記載の SSL2 ゲノム遺伝子の 4734 番目の塩基 G が A に置換した変異遺伝子；

(f) 配列番号 3 に記載の SSL2 ゲノム遺伝子の 1757 番目の塩基 G が A に置換した変異遺伝子；および

(g) 配列番号 3 に記載の SSL2 ゲノム遺伝子の 1546 番目の塩基 G が A に置換した変異遺伝子。

【請求項 8】 以下の (a) または (b) の何れかのタンパク質。

(a) 配列番号 2 に記載のアミノ酸配列を有し、かつ側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質。

(b) 配列番号 2 に記載のアミノ酸配列において、1 もしくは数個のアミノ酸が欠失、置換もしくは付加されたアミノ酸配列を有し、かつ側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質。

【請求項 9】 以下の (a) または (b) の何れかのタンパク質をコードする遺伝子。

(a) 配列番号 2 に記載のアミノ酸配列を有し、かつ側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質。

(b)配列番号2に記載のアミノ酸配列において、1もしくは数個のアミノ酸が欠失、置換もしくは付加されたアミノ酸配列を有し、かつ側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質。

【請求項10】 以下の(c)または(d)の何れかの遺伝子。

(c)配列番号1に記載の塩基配列を有し、かつ側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子。

(d)配列番号1に記載の塩基配列において、1もしくは数個の塩基が欠失、置換もしくは付加された塩基配列を有し、かつ側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、側根を形成しない植物の形質に影響を及ぼし、側根形成を人為的に制御可能にすることが期待される因子に関する。より具体的に、本発明は、側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質とそれをコードする遺伝子に関する。

【0002】

【従来の技術】

双子葉植物の根は、胚の幼根が発芽後に伸長して形成される主根とそこから分枝して生じる側根からできている。側根の形成に、植物ホルモンのオーキシンが関与することが知られている。側根の形成におけるオーキシンの働きを調節するタンパク質をコードする遺伝子として、シロイヌナズナのSLR(solitary root)遺伝子が公知である。また、このSLR遺伝子に変異を有し、側根を全く形成しないシロイヌナズナとして、solitary-root優性変異体(slr優性変異体)が公知である(Fukaki et al., Plant J. 2002, 29, 153-168 (非特許文献1))。しかし、このslr優性変異体の有する側根欠失表現型に影響を及ぼし、側根形成を人為的に制御可能にすることが期待される因子について、これまで報告されたことはない。

【0003】

【非特許文献1】

Fukaki et al., Plant J. 2002, 29, 153-168

【0004】

【発明が解決しようとする課題】

本発明は、側根を形成しない植物の形質に影響を及ぼし、側根形成を人為的に制御可能にすることが期待される因子を提供することを目的とする。より具体的に、本発明は、側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質とそれをコードする遺伝子を提供することを目的とする。

【0005】

【課題を解決するための手段】

本発明は、上記課題を解決するため、以下の手段を提供する。

【0006】

(1) 側根を形成しないシロイヌナズナslr優性変異体に変異原処理を行ない、変異原処理したslr優性変異体の次世代の中から、slr優性変異体の有する形質を保持し側根形成を行なう個体を選抜することにより得られる、配列番号3に記載のSSL2ゲノム遺伝子の一以上の塩基に変異を有するシロイヌナズナ二重変異体ssl2 slr。

(2) 側根を形成しないシロイヌナズナslr優性変異体が、SSL2ゲノム遺伝子の一以上の塩基に更に変異を有することにより側根形成能力を回復させた、シロイヌナズナ二重変異体ssl2 slr。

(3) 側根を形成しないシロイヌナズナslr優性変異体が、以下の(A)～(D)からなる群より選択される一の変異をSSL2ゲノム遺伝子に更に有することにより側根形成能力を回復させた、シロイヌナズナ二重変異体ssl2 slr。

(A) 配列番号3に記載のSSL2ゲノム遺伝子の852番目の塩基GがAに置換した変異；

(B) 配列番号3に記載のSSL2ゲノム遺伝子の4734番目の塩基GがAに置換した変異；

(C) 配列番号3に記載のSSL2ゲノム遺伝子の1757番目の塩基GがAに置換した変異；および

(D) 配列番号 3 に記載の SSL2 ゲノム遺伝子の 1546 番目の塩基 G が A に置換した変異。

【 0 0 0 7 】

(4) 配列番号 1 に記載の SSL2 遺伝子 (c D N A) の一以上の塩基に変異を有する変異遺伝子であって、該変異遺伝子の発現により、側根形成を阻害する突然変異体の表現型を回復させることが可能な変異遺伝子。

(5) 配列番号 3 に記載の SSL2 ゲノム遺伝子の一以上の塩基に変異を有する変異遺伝子であって、該変異遺伝子の発現により、側根形成を阻害する突然変異体の表現型を回復させることが可能な変異遺伝子。

(6) 以下の (a) ~ (c) からなる群より選択される、SSL2 遺伝子 (c D N A) の変異遺伝子：

(a) 配列番号 1 に記載の SSL2 遺伝子 (c D N A) の 566 番目の塩基 G が A に置換した変異遺伝子；

(b) 配列番号 1 に記載の SSL2 遺伝子 (c D N A) の 1005 番目の塩基 G が A に置換した変異遺伝子；および

(c) 配列番号 1 に記載の SSL2 遺伝子 (c D N A) の 901 番目の塩基 G が A に置換した変異遺伝子。

(7) 以下の (d) ~ (g) からなる群より選択される変異遺伝子：

(d) 配列番号 3 に記載の SSL2 ゲノム遺伝子の 852 番目の塩基 G が A に置換した変異遺伝子；

(e) 配列番号 3 に記載の SSL2 ゲノム遺伝子の 4734 番目の塩基 G が A に置換した変異遺伝子；

(f) 配列番号 3 に記載の SSL2 ゲノム遺伝子の 1757 番目の塩基 G が A に置換した変異遺伝子；および

(g) 配列番号 3 に記載の SSL2 ゲノム遺伝子の 1546 番目の塩基 G が A に置換した変異遺伝子。

【 0 0 0 8 】

(8) 以下の (a) または (b) の何れかのタンパク質。

(a) 配列番号 2 に記載のアミノ酸配列を有し、かつ側根形成を阻害する突然変異

を維持する機能を有するタンパク質。

(b) 配列番号 2 に記載のアミノ酸配列において、1 もしくは数個のアミノ酸が欠失、置換もしくは付加されたアミノ酸配列を有し、かつ側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質。

(9) 以下の(a)または(b)の何れかのタンパク質をコードする遺伝子。

(a) 配列番号 2 に記載のアミノ酸配列を有し、かつ側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質。

(b) 配列番号 2 に記載のアミノ酸配列において、1 もしくは数個のアミノ酸が欠失、置換もしくは付加されたアミノ酸配列を有し、かつ側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質。

(10) 以下の(c)または(d)の何れかの遺伝子。

(c) 配列番号 1 に記載の塩基配列を有し、かつ側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子。

(d) 配列番号 1 に記載の塩基配列において、1 もしくは数個の塩基が欠失、置換もしくは付加された塩基配列を有し、かつ側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子。

【0009】

【発明の実施の形態】

以下、本発明を詳細に説明するが、以下の記載は本発明を説明するためのものであって本発明を限定するためのものではない。

【0010】

[シロイヌナズナ二重変異体ssl2 slr]

本発明のシロイヌナズナ二重変異体ssl2 slr (以下、二重変異体ssl2 slrともいう) は、側根を形成しないシロイヌナズナslr優性変異体に変異原処理を行ない、変異原処理したslr優性変異体の次世代の中から、slr優性変異体の有する形質を保持し側根形成を行なう個体を選抜することにより得られる、配列番号 3 に記載のSSL2ゲノム遺伝子の一以上の塩基 (例えば 1 ないし数個の塩基) に変異を有する二重変異体である。

別の側面に従えば、本発明の二重変異体ssl2 slrは、側根を形成しないシロイ

ヌナズナslr優性変異体が、SSL2ゲノム遺伝子の一以上の塩基（例えば1ないし数個の塩基）に更に変異を有することにより側根形成能力を回復させた二重変異体である。

【0011】

具体的に、本発明の二重変異体ssl2 slrには、側根を形成しないシロイヌナズナslr優性変異体が、後述の「SSL2ゲノム遺伝子の変異遺伝子」を有することにより側根形成能力を回復させた二重変異体が含まれる。

一例を挙げれば、本発明の二重変異体ssl2 slrは、側根を形成しないシロイヌナズナslr優性変異体が、以下の（A）～（D）からなる群より選択される一の変異をSSL2ゲノム遺伝子に更に有することにより側根形成能力を回復させた二重変異体ssl2 slrである。

（A）配列番号3に記載のSSL2ゲノム遺伝子の852番目の塩基GがAに置換した変異；

（B）配列番号3に記載のSSL2ゲノム遺伝子の4734番目の塩基GがAに置換した変異；

（C）配列番号3に記載のSSL2ゲノム遺伝子の1757番目の塩基GがAに置換した変異；および

（D）配列番号3に記載のSSL2ゲノム遺伝子の1546番目の塩基GがAに置換した変異。

【0012】

本発明の二重変異体ssl2 slrの作製に使用されるシロイヌナズナslr優性変異体（以下、slr優性変異体ともいう）は、側根を全く形成しない変異体である。slr優性変異体は、根毛形成がほとんど起こらず、また根や胚軸の重力屈性が異常であるという性質を有する。slr優性変異体の原因遺伝子、即ちSLR変異遺伝子を、以下「IAA14変異遺伝子」と称する。

【0013】

slr優性変異体の種子は、2003年5月22日に、ブダペスト上の国際寄託機関である独立行政法人産業技術総合研究所 特許生物寄託センター（日本国茨城県つくば市東1丁目1番地1中央第6）に、「solitary-root-1 (Arabidopsis thalian

a)」という名称で国際寄託され、受託番号「FERM BP-8385」が付与された。slr優性変異体は、slr優性変異体を自家受粉し、側根を形成しない個体を選抜することにより、繁殖させることができる。

【0014】

二重変異体ssl2 slrの作製は、まず、slr優性変異体に変異原処理を施す。変異原処理を施すslr優性変異体として、種子、植物体、カルス等を用いることができる。本発明において変異原処理は、公知の手法を用いることができ、変異原として、DNAの塩基をアルキル化するアルキル化剤等の化学的変異原、紫外線、X線等のDNA損傷を起こす電磁波、または放射性物質を用いることができる。あるいは、変異原処理は、公知のアグロバクテリウム感染法により、T-DNAの両端に存在する一対の25塩基対の配列に挟まれた領域のDNAを、slr優性変異体のゲノムDNAのランダムな位置に挿入することにより行ってもよい。好ましくは、化学的変異原（例えば、エチルメタンスルホン酸）を0.2～0.3重量％の濃度で含有する溶液にslr優性変異体の種子を12～16時間浸漬することにより、変異原処理を行う。slr優性変異体として種子を用いた場合、その後、slr優性変異体（種子）を植物体へと成長させる。

【0015】

次いで、変異原処理したslr優性変異体（植物体）を自家受粉し、次世代を作製する。作製された次世代の中から、slr優性変異体の有する形質を保持し側根形成を行なう個体（すなわち、変異原処理による変異をホモ接合で有する個体）を選抜する。ここで、「slr優性変異体の有する形質」とは、側根を形成しない性質以外の当該変異体の有する性質をいい、具体的には、根毛形成がほとんど起こらず、また根や胚軸の重力屈性が異常である性質をいう。

【0016】

この段階で選抜された個体は、slr優性変異体の側根欠失表現型を抑圧する変異体であるが、この変異体の中には、slr優性変異体の原因遺伝子（IAA14変異遺伝子）領域内に更に変異が生じた「遺伝子内サプレッサー変異体」と、slr優性変異体の原因遺伝子（IAA14変異遺伝子）以外の領域に変異が生じた「遺伝子外サプレッサー変異体」とが含まれる可能性がある。そのため、選抜された個体が

、IAA14変異遺伝子の領域内に更に変異を有していない個体であることを確認することが好ましい。この確認についての詳細は、後述の実施例の記載を参照することができ、IAA14変異遺伝子の配列情報は、配列番号4 および図8から入手可能である。図8中、エキソン部分は大文字で表示し、イントロン部分は小文字で表示する。

【0017】

このようにして選抜された個体が、本発明の「二重変異体ssl2 slr」である。本発明の二重変異体ssl2 slrは、slr優性変異とssl2劣性変異を有する二重変異体である。本発明では、二重変異体ssl2 slrとして4種類の系統(ssl2-1、ssl2-2、ssl2-3、ssl2-4)が選抜された。4種類の系統はすべて、同一の遺伝子(以下、SSL2ゲノム遺伝子ともいう)の領域内に変異を有する個体であることが見出された。

【0018】

従って、本発明の二重変異体ssl2 slrの作製は、以下に記載のとおり再現可能である。すなわち、変異原処理したslr優性変異体のなかから側根形成を行う個体を選抜し、選抜された個体が、IAA14変異遺伝子の領域内に更に変異を有していないことを確認し、SSL2ゲノム遺伝子内の塩基配列に変異を有することを確認する。なお、SSL2ゲノム遺伝子内の変異を確認する手法については、後述の実施例の記載を参照することができる。

【0019】

本発明の二重変異体ssl2 slrは何れも、slr優性変異体の側根欠失表現型が一部回復し、側根を形成するが、slr優性変異体の他の表現型(根毛形成異常および重力屈性異常)の回復はみられない。このことから、本発明の二重変異体ssl2 slrにおいて変異を起こした遺伝子(SSL2ゲノム遺伝子)は、slr優性変異体の原因遺伝子(IAA14変異遺伝子)と遺伝的に相互作用すると考えられる。

【0020】

[SSL2遺伝子およびSSL2遺伝子によりコードされるタンパク質]

本発明の二重変異体ssl2 slrにおいて変異を起こした遺伝子(SSL2ゲノム遺伝子)は、シロイヌナズナの突然変異マップベースクロニング法により、At2g25

170遺伝子であると同定された。At2g25170遺伝子の遺伝子情報は、以下のホームページから入手できる：http://mips.gsf.de/cgi-bin/proj/thal/search_gene?code=At2g25170。ただし、本願出願時にこのホームページから入手できる情報は、塩基配列としては正しいが、エキソン、イントロンの情報に誤りを有していることが本発明において確認された。すなわち、本発明者らは、二重変異体ssl2 slrにおいて変異を起こしたSSL2遺伝子のcDNAを単離し、その塩基配列を確認し、更に、SSL2ゲノム遺伝子のエキソン、イントロン構造を明らかにした（図1～7）。

【0021】

SSL2遺伝子（cDNA）の塩基配列を配列番号1に示し、SSL2遺伝子（cDNA）によりコードされるタンパク質のアミノ酸配列を配列番号2に示す。また、SSL2ゲノム遺伝子の塩基配列を配列番号3に示す。何れの塩基配列も、変異を有していないものを表示する。また、SSL2ゲノム遺伝子の塩基配列（配列番号3）を図1～7に示し、図中、エキソン部分は大文字で表示し、イントロン部分は小文字で表示する。

【0022】

SSL2ゲノム遺伝子の変異により、slr優性変異体は側根を形成するようになる。言い換えると、slr優性変異体において側根形成を阻害する突然変異を維持するためには、正常なSSL2遺伝子が必要である。従って、SSL2遺伝子は、側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子であることが本発明において初めて見出された。

【0023】

従って、本発明は、配列番号1に記載の塩基配列を有する遺伝子であって、側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子を提供する。前記遺伝子は、側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質をコードしている限り、配列番号1に記載の塩基配列において、1もしくは数個の塩基が欠失、置換もしくは付加されていてもよい。

【0024】

また、本発明は、配列番号2に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質であっ

て、側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子を提供する。前記遺伝子は、側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質をコードしている限り、該タンパク質のアミノ酸配列において、1もしくは数個のアミノ酸が欠失、置換もしくは付加されていてもよい。

【0025】

更に本発明は、配列番号2に記載のアミノ酸配列を有し、かつ側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質を提供する。前記タンパク質は、側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有する限り、配列番号2に記載のアミノ酸配列において、1もしくは数個のアミノ酸が欠失、置換もしくは付加されていてもよい。

【0026】

更に、本発明において、SSL2遺伝子は、染色体のクロマチン構造変換に関わる動物のChromodomain-helicase-DNA-binding 3 (CHD3) タンパク質と相同性のあるタンパク質をコードしていることが見出された。側根形成とクロマチン構造変換との関係は、従来研究されておらず、本発明により初めて、クロマチン構造変換が側根形成に関わることが示唆された。

【0027】

[SSL2遺伝子の変異遺伝子]

本発明の「SSL2遺伝子(cDNA)の変異遺伝子」は、配列番号1に記載のSSL2遺伝子(cDNA)の一以上の塩基に変異を有する変異遺伝子であって、該変異遺伝子の発現により、側根形成を阻害する突然変異体の表現型を回復させることが可能な変異遺伝子である。

【0028】

本発明において変異とは、例えば、少なくとも一の塩基の置換、欠失、付加を意味し、当該変異は、側根形成を阻害する突然変異体の表現型に影響を及ぼす。すなわち、このような変異を有する本発明の変異遺伝子は、該変異遺伝子の発現により、側根形成を阻害する突然変異体の表現型を回復させることが可能である。

【0029】

具体的に、本発明の「SSL2遺伝子（cDNA）の変異遺伝子」には、以下のものが含まれる。ただし、本発明の「SSL2遺伝子（cDNA）の変異遺伝子」は、以下の具体例に限定されない。

1) SSL2遺伝子（cDNA）の一以上の塩基（例えば1ないし数個の塩基）が他の塩基に置換することにより、アミノ酸を指定していたコドンが終止コドンに置換した変異遺伝子。

2) SSL2遺伝子（cDNA）の一以上の塩基（例えば1ないし数個の塩基）が他の塩基に置換することにより、あるアミノ酸を指定するコドンが別のアミノ酸を指定するコドンに置換した変異遺伝子。

【0030】

より具体的に、本発明において選抜された二重変異体ssl2 slrが有する「SSL2遺伝子（cDNA）の変異遺伝子」は以下のとおりである。なお、変異遺伝子（a）～（c）は、それぞれ二重変異体ssl2 slrの系統ssl2-1、ssl2-3、ssl2-4に由来するものである。

（a）配列番号1に記載のSSL2遺伝子（cDNA）の566番目の塩基GがAに置換した変異遺伝子。この変異により、配列番号2の189番目のトリプトファン（TGG）が終止コドン（TAG）に置換される。

（b）配列番号1に記載のSSL2遺伝子（cDNA）の1005番目の塩基GがAに置換した変異遺伝子。この変異により、配列番号2の335番目のトリプトファン（TGG）が終止コドン（TAG）に置換される。

（c）配列番号1に記載のSSL2遺伝子（cDNA）の901番目の塩基GがAに置換した変異遺伝子。この変異により、配列番号2の301番目のグリシン（GGA）がアスパラギン（AGA）に置換される。

【0031】

また、本発明の「SSL2ゲノム遺伝子の変異遺伝子」は、配列番号3に記載のSSL2ゲノム遺伝子の一以上の塩基に変異を有する変異遺伝子であって、該変異遺伝子の発現により、側根形成を阻害する突然変異体の表現型を回復させることが可能な変異遺伝子である。

【0032】

具体的に、本発明の「SSL2ゲノム遺伝子の変異遺伝子」には、以下のものが含まれる。ただし、本発明の「SSL2ゲノム遺伝子の変異遺伝子」は、以下の具体例に限定されない。

3) SSL2ゲノム遺伝子のエキソン部分の一以上の塩基（例えば1ないし数個の塩基）が他の塩基に置換することにより、アミノ酸を指定していたコドンが終止コドンに置換した変異遺伝子。

4) SSL2ゲノム遺伝子のエキソン部分の一以上の塩基（例えば1ないし数個の塩基）が他の塩基に置換することにより、あるアミノ酸を指定するコドンが別のアミノ酸を指定するコドンに置換した変異遺伝子。

5) SSL2ゲノム遺伝子のスプライス部位 (splice site) の一以上の塩基（例えば1ないし数個の塩基）が他の塩基に置換することにより、SSL2ゲノム遺伝子のイントロンが正常に切除されない変異遺伝子。ここでスプライス部位とは、エキソンとイントロンの境界部位、すなわち、スプライシング反応においてイントロンの切除とその前後のエキソンの再結合が行われる部位であって、当該部位の塩基の置換が、スプライシング反応に支障をきたす部位を指す。具体的に、スプライス部位には、イントロンの5' 端に位置するスプライス供与部位 (donor splice site) およびイントロンの3' 端に位置するスプライス受容部位 (acceptor splice site) が含まれる。スプライス部位として、例えば、イントロンの5' 端に位置する保存された塩基配列「gt」およびイントロンの3' 端に位置する保存された塩基配列「ag」が挙げられる。

【0033】

より具体的に、本発明において選抜された二重変異体ssl2 slrが有する「SSL2ゲノム遺伝子の変異遺伝子」は以下のとおりである。なお、変異遺伝子(d)～(g)は、それぞれ二重変異体ssl2 slrの系統ssl2-1、ssl2-2、ssl2-3、ssl2-4に由来するものである。

(d) 配列番号3に記載のSSL2ゲノム遺伝子の852番目の塩基GがAに置換した変異遺伝子。このSSL2ゲノム遺伝子のエキソン部分の変異により、配列番号2の189番目のトリプトファン (TGG) が終止コドン (TAG) に置換される。

(e) 配列番号3に記載のSSL2ゲノム遺伝子の4734番目の塩基GがAに置換した

変異遺伝子。このSSL2ゲノム遺伝子のスプライス部位の変異により、SSL2ゲノム遺伝子のイントロンが正常に切除されず、正常なmRNAがつかられない。

(f) 配列番号3に記載のSSL2ゲノム遺伝子の1757番目の塩基GがAに置換した変異遺伝子。このSSL2ゲノム遺伝子のエキソン部分の変異により、配列番号2の335番目のトリプトファン (TGG) が終止コドン (TAG) に置換される。

(g) 配列番号3に記載のSSL2ゲノム遺伝子の1546番目の塩基GがAに置換した変異遺伝子。このSSL2ゲノム遺伝子のエキソン部分の変異により、配列番号2の301番目のグリシン (GGA) がアスパラギン (AGA) に置換される。

【0034】

【実施例】

以下、実施例により本発明を具体的に説明するが、本発明は以下の記載に限定されるものではない。

【0035】

実施例1：ssl2劣性変異とslr変異を有する二重変異体ssl2 slrの作製

側根を全く形成しないslr優性変異体の種子（5千個）を、0.2% エチルメタン
スルホン酸 (EMS) 溶液に16時間浸すことにより、変異原処理を行なった。二重
変異体ssl2 slrは、変異原処理した種子 (M1種子) の次世代（3万個体）の中か
ら、slr優性変異を持ちながらも、側根形成を行なう個体として選抜され、その
表現型が次世代にも安定に遺伝することが確認された後に、ssl2 slrと名付けた
。本実施例では、4系統の二重変異体ssl2 slr (ssl2-1、ssl2-2、ssl2-3、ssl2
-4) を選抜した。

【0036】

更に、二重変異体ssl2 slrのゲノムDNAが、slr優性変異体の原因遺伝子 (IAA1
4変異遺伝子) 領域内に別の変異 (本来のslr優性変異以外の変異) を有していな
いことを塩基配列から確認した。この確認は、以下に示すプライマーを用いて、
IAA14変異遺伝子を含むゲノム領域を増幅することにより行った。IAA14変異遺伝
子を含むゲノム領域 (1476 bp) を増幅するためのPCRプライマー配列を以下に記
載する。

IAA14-F1: 5-CATATTCTGATTTAAGACATA-3 (配列番号5)

IAA14-R1: 5-AATCAATGCATATTGTCCTCT-3 (配列番号 6)

PCR産物の全塩基配列を決定するためには、上記 2 つのプライマーに加えて以下のプライマーを用いた。

IAA14-F2: 5-TTATGGCTAATCAGAAGAGCG-3 (配列番号 7)

IAA14-F3: 5-TATTCTCTAAACAAAAAAAAC-3 (配列番号 8)

【 0 0 3 7 】

また、二重変異体 ssl2 slr のゲノム DNA が、SSL2 遺伝子領域内に変異を有していることを塩基配列から確認した。この確認は、以下に示すプライマーを用いて、SSL2 遺伝子の領域を増幅することにより行った。すなわち、SSL2 遺伝子領域の塩基配列を決定するには、SSL2 遺伝子領域 (9353 bp) を 7 つ (A~G) の領域に分けて各ゲノム領域を PCR で増幅し、各 PCR 産物の全塩基配列を決定し、野生型の SSL2 遺伝子のゲノム DNA 配列と比較した。変異が見つかれば ssl2 変異体であると考えられる。

【 0 0 3 8 】

各ゲノム領域を増幅するための PCR プライマー配列は以下に記載する。

・ゲノム領域 (A) を増幅する PCR プライマー配列

SSL2-F1: 5-aattcgacttcttggtactca-3 (配列番号 9)

SSL2-R1: 5-AAATTAAGTCCCTCAAGCTGG-3 (配列番号 10)

この PCR 産物の全塩基配列を決定するためには、上記 2 つのプライマーに加えて以下のプライマーを用いた。

SSL2-F2: 5-actctgaattttagAAAGAA-3 (配列番号 11)

SSL2-F3: 5-GAAGATGATTTTGTGTCATA-3 (配列番号 12)

・ゲノム領域 (B) を増幅する PCR プライマー配列

SSL2-F4: 5-AAGATGGGGAGCTGGAATATC-3 (配列番号 13)

SSL2-R2: 5-GGCTCAACACCCTCTAGCATA-3 (配列番号 14)

この PCR 産物の全塩基配列を決定するためには、上記 2 つのプライマーに加えて以下のプライマーを用いた。

SSL2-F5: 5-CATCCATACCAGCTTGAGGGA-3 (配列番号 15)

SSL2-F6: 5-CAAGTTTGATGTCCTCCTCAC-3 (配列番号 16)

・ゲノム領域 (C) を増幅するPCRプライマー配列

SSL2-F7: 5-ACATGCCCCCAAAAAGGAGC-3 (配列番号 1 7)

SSL2-R3: 5-CCATCAATTCGCTCGTACTGC-3 (配列番号 1 8)

このPCR産物の全塩基配列を決定するためには、上記 2 つのプライマーに加えて以下のプライマーを用いた。

SSL2-F8: 5-atgtgctgaaactgtgtgtac-3 (配列番号 1 9)

・ゲノム領域 (D) を増幅するPCRプライマー配列

SSL2-F9: 5-ccattgcttttctgacgcat-3 (配列番号 2 0)

SSL2-R4: 5-ttcgatagccaaccacagtct-3 (配列番号 2 1)

このPCR産物の全塩基配列を決定するためには、上記 2 つのプライマーに加えて以下のプライマーを用いた。

SSL2-F10: 5-ggcatgcaatatgggtggcgt-3 (配列番号 2 2)

・ゲノム領域 (E) を増幅するPCRプライマー配列

SSL2-F11: 5-TCAGGTATGGATCAAAGGAGC-3 (配列番号 2 3)

SSL2-R5: 5-CTCCCCTCACCTTCCATCAAC-3 (配列番号 2 4)

このPCR産物の全塩基配列を決定するためには、上記 2 つのプライマーに加えて以下のプライマーを用いた。

SSL2-F12: 5-gtgcacaatcttgtcaaatca-3 (配列番号 2 5)

SSL2-F13: 5-GAGGCACAGAGAGTCGCTGCT-3 (配列番号 2 6)

・ゲノム領域 (F) を増幅するPCRプライマー配列

SSL2-F14: 5-tatacattggttttgtctgcc-3 (配列番号 2 7)

SSL2-R6: 5-GTAGGGATAGATGATGAGCCA-3 (配列番号 2 8)

このPCR産物の全塩基配列を決定するためには、上記 2 つのプライマーに加えて以下のプライマーを用いた。

SSL2-F15: 5-ccccgatgcatctaaattatc-3 (配列番号 2 9)

SSL2-F16: 5-ACTAGTTCAGGAGAAGgtgag-3 (配列番号 3 0)

・ゲノム領域 (G) を増幅するPCRプライマー配列

SSL2-F17: 5-ACATGCAGAGACGACTTGTTG-3 (配列番号 3 1)

SSL2-R7: 5-cggacttcacgaacctattc-3 (配列番号 3 2)

このPCR産物の全塩基配列を決定するためには、上記2つのプライマーを用いた。

【0039】

実施例2：SSL2遺伝子の単離

実施例1で作製されたssl2劣性変異とslr変異を有する二重変異体ssl2 slr（エコタイプColumbia）と野生型（エコタイプLandsberg erecta）とを交配させて得たF1世代の次世代F2個体のゲノムDNAを用いて、シロイヌナズナのゲノム情報に基づく詳細なSSL2遺伝子座のマッピングを行ない、ssl2劣性変異が第2染色体の遺伝子At2g25140からAt2g25300までの17遺伝子を含むゲノム領域にあることを突き止めた。

【0040】

次に、独立に単離した4系統のssl2劣性変異体（ssl2-1, ssl2-2, ssl2-3, ssl2-4）のゲノムDNAを用いて、これらの17個の候補遺伝子の塩基配列を確認したところ、4系統のssl2劣性変異体すべてにおいてAt2g25170遺伝子にコードされるタンパク質の機能を喪失させると思われる突然変異が発見された。このことからSSL2遺伝子がAt2g25170遺伝子であることを同定した。

【0041】

実施例3：SSL2遺伝子が側根形成の阻害に関与していることを確認した実験

slr優性変異体はオーキシン誘導性タンパク質をコードするIAA14の機能獲得変異体であり、通常の寒天培地における生育条件下において側根形成が完全に阻害される。しかし、今回発見したssl2劣性変異とslr変異を有する二重変異体ssl2 slrは、同じ条件において野生型ほどではないが、側根形成を行なった。この結果から、slr変異体において観察される側根形成阻害には、正常なSSL2遺伝子が必要なことが示された。

【0042】

【発明の効果】

以上説明したとおり、本発明は、側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質とそれをコードするSSL2遺伝子を提供する。また、本発明者は、本発明のSSL2遺伝子の機能がslr優性変異体で失われると、slr優性変異体

は、側根を全く形成しない性質を失い、側根を形成するようになることを新たに見出した。これにより、SSL2遺伝子によりコードされるタンパク質は、植物の根の形成、特に側根形成の新たな調節因子と考えられる。従って、このタンパク質の機能を改変させることにより、植物の根の成長を人為的に制御可能にすることが期待される。すなわち、さまざまな植物においてSSL2相同遺伝子の機能を改変させることにより、側根や不定根が形成されにくい草本や樹木から根の形成を促進させることが期待される。

【 0 0 4 3 】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> The president of Nara institute of science and technology

<120> A protein that maintains a mutation that inhibits
lateral root formation and a gene encoding the protein

<130> A000300899

<160> 32

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 4155

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(4152)

<400> 1

atg agt agt ttg gtg gag agg ctt cgc ata cga tct gat agg aaa cca 48
Met Ser Ser Leu Val Glu Arg Leu Arg Ile Arg Ser Asp Arg Lys Pro
1 5 10 15

gtt tat aac cta gat gat tct gat gat gac gac ttc gtt cct aaa aaa 96
Val Tyr Asn Leu Asp Asp Ser Asp Asp Asp Asp Phe Val Pro Lys Lys
20 25 30

gat cga acc ttt gag caa gtc gag gct att gtc aga act gat gcg aaa 144
Asp Arg Thr Phe Glu Gln Val Glu Ala Ile Val Arg Thr Asp Ala Lys
35 40 45

gaa aat gca tgt cag gct tgt ggg gaa agt act aat ctt gta agc tgc 192
Glu Asn Ala Cys Gln Ala Cys Gly Glu Ser Thr Asn Leu Val Ser Cys
50 55 60

aat aca tgc act tat gcg ttc cat gct aaa tgc tta gtt cca cct ctt 240
Asn Thr Cys Thr Tyr Ala Phe His Ala Lys Cys Leu Val Pro Pro Leu
65 70 75 80

aaa gat gct tcc gtg gaa aat tgg aga tgc cct gaa tgt gtt agt cct 288
Lys Asp Ala Ser Val Glu Asn Trp Arg Cys Pro Glu Cys Val Ser Pro
85 90 95

ctt aac gag ata gat aag ata ttg gat tgt gaa atg cgt cct aca aaa 336
Leu Asn Glu Ile Asp Lys Ile Leu Asp Cys Glu Met Arg Pro Thr Lys

100	105	110	
tct agt gaa caa ggt tcc tcc gat gcg gaa ccg aag cca att ttt gtg			384
Ser Ser Glu Gln Gly Ser Ser Asp Ala Glu Pro Lys Pro Ile Phe Val			
115	120	125	
aaa cag tat ctc gtg aag tgg aag gga tta tca tac ctt cac tgc tct			432
Lys Gln Tyr Leu Val Lys Trp Lys Gly Leu Ser Tyr Leu His Cys Ser			
130	135	140	
tgg gtg cct gag aag gag ttc cag aag gct tat aag tca aat cat cgt			480
Trp Val Pro Glu Lys Glu Phe Gln Lys Ala Tyr Lys Ser Asn His Arg			
145	150	155	160
tta aaa acc aga gtg aac aat ttt cac cgt caa atg gag tca ttc aat			528
Leu Lys Thr Arg Val Asn Asn Phe His Arg Gln Met Glu Ser Phe Asn			
165	170	175	
aac agc gaa gat gat ttt gtt gcc ata cgt cct gag tgg acc act gtt			576
Asn Ser Glu Asp Asp Phe Val Ala Ile Arg Pro Glu Trp Thr Thr Val			
180	185	190	
gat cgg att ctt gcc tgc aga gag gaa gat ggg gag ctg gaa tat ctt			624
Asp Arg Ile Leu Ala Cys Arg Glu Glu Asp Gly Glu Leu Glu Tyr Leu			
195	200	205	
gtc aaa tat aaa gag cta tcc tat gat gaa tgt tat tgg gag tca gaa			672
Val Lys Tyr Lys Glu Leu Ser Tyr Asp Glu Cys Tyr Trp Glu Ser Glu			
210	215	220	

tca gac atc tca acc ttc cag aat gaa att caa agg ttc aag gat gta 720

Ser Asp Ile Ser Thr Phe Gln Asn Glu Ile Gln Arg Phe Lys Asp Val

225 230 235 240

aat tct aga act cgc aga agt aaa gat gtt gac cat aaa aga aat ccc 768

Asn Ser Arg Thr Arg Arg Ser Lys Asp Val Asp His Lys Arg Asn Pro

245 250 255

aga gac ttt caa cag ttt gat cat act cct gaa ttc ctc aaa ggc ttg 816

Arg Asp Phe Gln Gln Phe Asp His Thr Pro Glu Phe Leu Lys Gly Leu

260 265 270

tta cat cca tac cag ctt gag gga ctt aat ttt ttg cgg ttc tcg tgg 864

Leu His Pro Tyr Gln Leu Glu Gly Leu Asn Phe Leu Arg Phe Ser Trp

275 280 285

tca aaa cag acg cat gta atc ctt gct gat gaa atg gga cta ggc aag 912

Ser Lys Gln Thr His Val Ile Leu Ala Asp Glu Met Gly Leu Gly Lys

290 295 300

aca att caa agc att gcc ctt tta gct tca ctt ttt gag gag aac ctc 960

Thr Ile Gln Ser Ile Ala Leu Leu Ala Ser Leu Phe Glu Glu Asn Leu

305 310 315 320

att ccg cat ttg gta att gct cct cta tcg act ctg cgt aac tgg gag 1008

Ile Pro His Leu Val Ile Ala Pro Leu Ser Thr Leu Arg Asn Trp Glu

325 330 335

aga gag ttt gcc aca tgg gcc cca cag atg aac gtg gtt atg tat ttt 1056

Arg Glu Phe Ala Thr Trp Ala Pro Gln Met Asn Val Val Met Tyr Phe

340

345

350

ggc act gcg caa gct cga gca gtt atc aga gaa cat gag ttt tac tta 1104

Gly Thr Ala Gln Ala Arg Ala Val Ile Arg Glu His Glu Phe Tyr Leu

355

360

365

tcg aaa gat caa aaa aag atc aag aaa aag aaa tct gga caa ata agt 1152

Ser Lys Asp Gln Lys Lys Ile Lys Lys Lys Lys Ser Gly Gln Ile Ser

370

375

380

agc gaa agc aag caa aaa aga atc aag ttt gat gtc ctc ctc aca tcg 1200

Ser Glu Ser Lys Gln Lys Arg Ile Lys Phe Asp Val Leu Leu Thr Ser

385

390

395

400

tat gag atg atc aac cta gat tca gca gtt cta aaa cca att aag tgg 1248

Tyr Glu Met Ile Asn Leu Asp Ser Ala Val Leu Lys Pro Ile Lys Trp

405

410

415

gag tgc atg att gtt gat gaa ggt cat cga ctg aaa aat aag gat tca 1296

Glu Cys Met Ile Val Asp Glu Gly His Arg Leu Lys Asn Lys Asp Ser

420

425

430

aag ctg ttc tct tca ttg aca cag tat tca agt aac cac cgt att ctt 1344

Lys Leu Phe Ser Ser Leu Thr Gln Tyr Ser Ser Asn His Arg Ile Leu

435

440

445

ctg aca gga aca cca ctt cag aac aac ttg gat gaa ctt ttc atg ctc 1392

Leu Thr Gly Thr Pro Leu Gln Asn Asn Leu Asp Glu Leu Phe Met Leu
450 455 460

atg cat ttt ctt gat gcg ggg aag ttt gga agt ttg gag gag ttc cag 1440
Met His Phe Leu Asp Ala Gly Lys Phe Gly Ser Leu Glu Glu Phe Gln
465 470 475 480

gag gag ttc aaa gat att aat caa gag gag cag atc tca agg ttg cac 1488
Glu Glu Phe Lys Asp Ile Asn Gln Glu Glu Gln Ile Ser Arg Leu His
485 490 495

aaa atg ttg gct cca cat ttg ctc aga agg gta aaa aaa gac gta atg 1536
Lys Met Leu Ala Pro His Leu Leu Arg Arg Val Lys Lys Asp Val Met
500 505 510

aaa gac atg ccc ccc aaa aag gag ctc att ttg cgt gtt gat ctg agc 1584
Lys Asp Met Pro Pro Lys Lys Glu Leu Ile Leu Arg Val Asp Leu Ser
515 520 525

agt ctg cag aaa gaa tat tac aaa gct att ttt acc cgt aat tat caa 1632
Ser Leu Gln Lys Glu Tyr Tyr Lys Ala Ile Phe Thr Arg Asn Tyr Gln
530 535 540

gta ttg aca aaa aag gga ggt gct caa att tcc ctt aat aac att atg 1680
Val Leu Thr Lys Lys Gly Gly Ala Gln Ile Ser Leu Asn Asn Ile Met
545 550 555 560

atg gaa tta cga aaa gta tgc tgc cat cct tat atg cta gag ggt gtt 1728
Met Glu Leu Arg Lys Val Cys Cys His Pro Tyr Met Leu Glu Gly Val

565	570	575	
gag cca gtt att cac gac gca aat gaa gct ttc aaa caa ctt ttg gag			1776
Glu Pro Val Ile His Asp Ala Asn Glu Ala Phe Lys Gln Leu Leu Glu			
580	585	590	
tct tgt gga aag ctg caa ctt cta gat aaa atg atg gtc aaa ctg aaa			1824
Ser Cys Gly Lys Leu Gln Leu Leu Asp Lys Met Met Val Lys Leu Lys			
595	600	605	
gag caa gga cac aga gtc cta ata tac aca cag ttt cag cat atg ctg			1872
Glu Gln Gly His Arg Val Leu Ile Tyr Thr Gln Phe Gln His Met Leu			
610	615	620	
gac tta ctt gaa gac tac tgt acc cat aag aaa tgg cag tac gag cga			1920
Asp Leu Leu Glu Asp Tyr Cys Thr His Lys Lys Trp Gln Tyr Glu Arg			
625	630	635	640
att gat gga aag gtt ggc gga gct gag cgg caa ata cgc ata gat cgg			1968
Ile Asp Gly Lys Val Gly Gly Ala Glu Arg Gln Ile Arg Ile Asp Arg			
645	650	655	
ttc aat gcc aaa aat tct aac aag ttt tgt ttt ttg ctc tcc aca aga			2016
Phe Asn Ala Lys Asn Ser Asn Lys Phe Cys Phe Leu Leu Ser Thr Arg			
660	665	670	
gct ggt ggc tta gga ata aat ctt gca acg gct gat aca gta atc att			2064
Ala Gly Gly Leu Gly Ile Asn Leu Ala Thr Ala Asp Thr Val Ile Ile			
675	680	685	

tat gac agt gac tgg aat cct cat gct gat ctt caa gca atg gct aga 2112

Tyr Asp Ser Asp Trp Asn Pro His Ala Asp Leu Gln Ala Met Ala Arg

690

695

700

gct cat cga ctt ggc caa aca aat aag gtg atg att tat agg ctc ata 2160

Ala His Arg Leu Gly Gln Thr Asn Lys Val Met Ile Tyr Arg Leu Ile

705

710

715

720

aac cga ggc acc att gaa gaa agg atg atg caa ttg act aaa aag aaa 2208

Asn Arg Gly Thr Ile Glu Glu Arg Met Met Gln Leu Thr Lys Lys Lys

725

730

735

atg gtt cta gag cat ctt gtt gtt ggg aaa ctc aaa aca caa aac att 2256

Met Val Leu Glu His Leu Val Val Gly Lys Leu Lys Thr Gln Asn Ile

740

745

750

aat cag gaa gag tta gat gac atc atc agg tat gga tca aag gag ctt 2304

Asn Gln Glu Glu Leu Asp Asp Ile Ile Arg Tyr Gly Ser Lys Glu Leu

755

760

765

ttt gct agt gaa gat gat gaa gca gga aag tct gga aaa att cat tat 2352

Phe Ala Ser Glu Asp Asp Glu Ala Gly Lys Ser Gly Lys Ile His Tyr

770

775

780

gat gat gcg gct ata gac aaa ttg ctt gat cgt gat ctc gtg gag gca 2400

Asp Asp Ala Ala Ile Asp Lys Leu Leu Asp Arg Asp Leu Val Glu Ala

785

790

795

800

gag gaa gtc tca gtg gat gat gaa gag gag aat gga ttc tta aag gct 2448

Glu Glu Val Ser Val Asp Asp Glu Glu Glu Asn Gly Phe Leu Lys Ala

805

810

815

ttc aag gtg gct aat ttt gaa tat ata gat gaa aat gag gca gca gca 2496

Phe Lys Val Ala Asn Phe Glu Tyr Ile Asp Glu Asn Glu Ala Ala Ala

820

825

830

tta gag gca cag aga gtc gct gct gaa agc aaa tct tca gca ggc aat 2544

Leu Glu Ala Gln Arg Val Ala Ala Glu Ser Lys Ser Ser Ala Gly Asn

835

840

845

tct gat aga gca agt tat tgg gaa gag ttg tta aaa gat aaa ttt gag 2592

Ser Asp Arg Ala Ser Tyr Trp Glu Glu Leu Leu Lys Asp Lys Phe Glu

850

855

860

ctg cac cag gct gag gag ctt aat gct ctt gga aaa agg aag aga agt 2640

Leu His Gln Ala Glu Glu Leu Asn Ala Leu Gly Lys Arg Lys Arg Ser

865

870

875

880

cgc aag cag ttg gta tcc att gaa gaa gat gat ctt gct ggt ttg gaa 2688

Arg Lys Gln Leu Val Ser Ile Glu Glu Asp Asp Leu Ala Gly Leu Glu

885

890

895

gat gtg agc tct gat gga gat gaa agt tat gaa gct gag tca aca gat 2736

Asp Val Ser Ser Asp Gly Asp Glu Ser Tyr Glu Ala Glu Ser Thr Asp

900

905

910

ggt gaa gca gca gga caa gga gtt cag acg ggt cga cgg ccg tac aga 2784

Gly Glu Ala Ala Gly Gln Gly Val Gln Thr Gly Arg Arg Pro Tyr Arg

915

920

925

aga aag ggt cgc gat aat ttg gaa cca act ccg ttg atg gaa ggt gag 2832

Arg Lys Gly Arg Asp Asn Leu Glu Pro Thr Pro Leu Met Glu Gly Glu

930

935

940

ggg aga tct ttc aga gta ctg ggt ttc aac cag agt caa agg gcc att 2880

Gly Arg Ser Phe Arg Val Leu Gly Phe Asn Gln Ser Gln Arg Ala Ile

945

950

955

960

ttt gta cag act ttg atg agg tat gga gct ggc aat ttt gat tgg aag 2928

Phe Val Gln Thr Leu Met Arg Tyr Gly Ala Gly Asn Phe Asp Trp Lys

965

970

975

gag ttt gtt cct cgc tta aag cag aag acc ttt gaa gaa ata aat gaa 2976

Glu Phe Val Pro Arg Leu Lys Gln Lys Thr Phe Glu Glu Ile Asn Glu

980

985

990

tat gga ata ctc ttc ttg aag cac att gct gaa gaa ata gac gag aat 3024

Tyr Gly Ile Leu Phe Leu Lys His Ile Ala Glu Glu Ile Asp Glu Asn

995

1000

1005

tct cca acc ttt tca gat ggt gtg ccc aag gaa gga ctt aga ata gaa 3072

Ser Pro Thr Phe Ser Asp Gly Val Pro Lys Glu Gly Leu Arg Ile Glu

1010

1015

1020

gat gtt cta gtc aga att gct ctt ctg ata cta gtt cag gag aag gtg 3120

Asp Val Leu Val Arg Ile Ala Leu Leu Ile Leu Val Gln Glu Lys Val

1025	1030	1035	1040	
aaa ttt gta gaa gat cat cca ggg aaa cct gtt ttc ccc tct cgc att				3168
Lys Phe Val Glu Asp His Pro Gly Lys Pro Val Phe Pro Ser Arg Ile				
	1045	1050	1055	
ctt gaa aga ttc ccc gga ctg aga agt gga aaa att tgg aag gag gaa				3216
Leu Glu Arg Phe Pro Gly Leu Arg Ser Gly Lys Ile Trp Lys Glu Glu				
	1060	1065	1070	
cat gac aag ata atg ata cgt gct gtt tta aag cat ggg tac gga cgg				3264
His Asp Lys Ile Met Ile Arg Ala Val Leu Lys His Gly Tyr Gly Arg				
	1075	1080	1085	
tgg caa gct att gtt gat gac aaa gag ttg ggg atc caa gag ctt atc				3312
Trp Gln Ala Ile Val Asp Asp Lys Glu Leu Gly Ile Gln Glu Leu Ile				
	1090	1095	1100	
tgc aaa gaa ttg aat ttc cct cac ata agt ttg tct gct gct gaa caa				3360
Cys Lys Glu Leu Asn Phe Pro His Ile Ser Leu Ser Ala Ala Glu Gln				
	1105	1110	1115	1120
gct ggt ttg cag ggg cag aat ggt agt ggg ggc tct aat ccg gga gca				3408
Ala Gly Leu Gln Gly Gln Asn Gly Ser Gly Gly Ser Asn Pro Gly Ala				
	1125	1130	1135	
cag act aac cag aat cct gga agc gtt att act ggg aac aat aat gct				3456
Gln Thr Asn Gln Asn Pro Gly Ser Val Ile Thr Gly Asn Asn Asn Ala				
	1140	1145	1150	

tct gct gat ggg gct caa gta aac tcg atg ttc tat tat cgg gac atg 3504
Ser Ala Asp Gly Ala Gln Val Asn Ser Met Phe Tyr Tyr Arg Asp Met

1155

1160

1165

cag aga cga ctt gtt gag ttt gtg aaa aag cga gtt ctg ctt ttg gag 3552
Gln Arg Arg Leu Val Glu Phe Val Lys Lys Arg Val Leu Leu Leu Glu

1170

1175

1180

aag gcg atg aat tat gaa tac gca gag gaa tat tat gga ctt ggt ggc 3600
Lys Ala Met Asn Tyr Glu Tyr Ala Glu Glu Tyr Tyr Gly Leu Gly Gly

1185

1190

1195

1200

tca tca tct atc cct act gaa gaa cca gaa gct gaa cca aag atc gct 3648
Ser Ser Ser Ile Pro Thr Glu Glu Pro Glu Ala Glu Pro Lys Ile Ala

1205

1210

1215

gac aca gtg gga gtg agc ttt att gag gtt gat gat gaa atg ctt gat 3696
Asp Thr Val Gly Val Ser Phe Ile Glu Val Asp Asp Glu Met Leu Asp

1220

1225

1230

gga ctt cct aag act gat cct atc act tca gaa gaa att atg ggg gct 3744
Gly Leu Pro Lys Thr Asp Pro Ile Thr Ser Glu Glu Ile Met Gly Ala

1235

1240

1245

gct gtt gac aac aac caa gcg cgg gtc gaa ata gct caa cat tat aac 3792
Ala Val Asp Asn Asn Gln Ala Arg Val Glu Ile Ala Gln His Tyr Asn

1250

1255

1260

cag atg tgc aaa ctt ctt gat gag aac gct cgg gaa tca gtc caa gca 3840
 Gln Met Cys Lys Leu Leu Asp Glu Asn Ala Arg Glu Ser Val Gln Ala
 1265 1270 1275 1280

tat gta aac aac caa cca ccg agt acc aag gtg aat gag agc ttc cgt 3888
 Tyr Val Asn Asn Gln Pro Pro Ser Thr Lys Val Asn Glu Ser Phe Arg
 1285 1290 1295

gca ctc aaa tct atc aat ggt aac att aac aca atc ctt tcg att aca 3936
 Ala Leu Lys Ser Ile Asn Gly Asn Ile Asn Thr Ile Leu Ser Ile Thr
 1300 1305 1310

tct gat caa tcc aag tca cat gaa gac gac acc aag cca gac cta aac 3984
 Ser Asp Gln Ser Lys Ser His Glu Asp Asp Thr Lys Pro Asp Leu Asn
 1315 1320 1325

aat gtt gag atg aag gac acg gcc gaa gaa aca aaa ccg tta aga ggt 4032
 Asn Val Glu Met Lys Asp Thr Ala Glu Glu Thr Lys Pro Leu Arg Gly
 1330 1335 1340

ggc gtc gtc gat ctg aat gtg gtg gag gga gag gag aac att gct gaa 4080
 Gly Val Val Asp Leu Asn Val Val Glu Gly Glu Glu Asn Ile Ala Glu
 1345 1350 1355 1360

gct agt gga agt gtt gat gta aaa atg gaa gaa gcc aaa gaa gaa gag 4128
 Ala Ser Gly Ser Val Asp Val Lys Met Glu Glu Ala Lys Glu Glu Glu
 1365 1370 1375

aag cca aag aac atg gtc gtt gat tga 4155

Lys Pro Lys Asn Met Val Val Asp

1380

<210> 2

<211> 1384

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 2

Met Ser Ser Leu Val Glu Arg Leu Arg Ile Arg Ser Asp Arg Lys Pro

1

5

10

15

Val Tyr Asn Leu Asp Asp Ser Asp Asp Asp Asp Phe Val Pro Lys Lys

20

25

30

Asp Arg Thr Phe Glu Gln Val Glu Ala Ile Val Arg Thr Asp Ala Lys

35

40

45

Glu Asn Ala Cys Gln Ala Cys Gly Glu Ser Thr Asn Leu Val Ser Cys

50

55

60

Asn Thr Cys Thr Tyr Ala Phe His Ala Lys Cys Leu Val Pro Pro Leu

65

70

75

80

Lys Asp Ala Ser Val Glu Asn Trp Arg Cys Pro Glu Cys Val Ser Pro

85

90

95

Leu Asn Glu Ile Asp Lys Ile Leu Asp Cys Glu Met Arg Pro Thr Lys

100	105	110
Ser Ser Glu Gln Gly Ser Ser Asp Ala Glu Pro Lys Pro Ile Phe Val		
115	120	125
Lys Gln Tyr Leu Val Lys Trp Lys Gly Leu Ser Tyr Leu His Cys Ser		
130	135	140
Trp Val Pro Glu Lys Glu Phe Gln Lys Ala Tyr Lys Ser Asn His Arg		
145	150	155
Leu Lys Thr Arg Val Asn Asn Phe His Arg Gln Met Glu Ser Phe Asn		
165	170	175
Asn Ser Glu Asp Asp Phe Val Ala Ile Arg Pro Glu Trp Thr Thr Val		
180	185	190
Asp Arg Ile Leu Ala Cys Arg Glu Glu Asp Gly Glu Leu Glu Tyr Leu		
195	200	205
Val Lys Tyr Lys Glu Leu Ser Tyr Asp Glu Cys Tyr Trp Glu Ser Glu		
210	215	220
Ser Asp Ile Ser Thr Phe Gln Asn Glu Ile Gln Arg Phe Lys Asp Val		
225	230	235
Asn Ser Arg Thr Arg Arg Ser Lys Asp Val Asp His Lys Arg Asn Pro		
245	250	255

Arg Asp Phe Gln Gln Phe Asp His Thr Pro Glu Phe Leu Lys Gly Leu
260 265 270

Leu His Pro Tyr Gln Leu Glu Gly Leu Asn Phe Leu Arg Phe Ser Trp
275 280 285

Ser Lys Gln Thr His Val Ile Leu Ala Asp Glu Met Gly Leu Gly Lys
290 295 300

Thr Ile Gln Ser Ile Ala Leu Leu Ala Ser Leu Phe Glu Glu Asn Leu
305 310 315 320

Ile Pro His Leu Val Ile Ala Pro Leu Ser Thr Leu Arg Asn Trp Glu
325 330 335

Arg Glu Phe Ala Thr Trp Ala Pro Gln Met Asn Val Val Met Tyr Phe
340 345 350

Gly Thr Ala Gln Ala Arg Ala Val Ile Arg Glu His Glu Phe Tyr Leu
355 360 365

Ser Lys Asp Gln Lys Lys Ile Lys Lys Lys Lys Ser Gly Gln Ile Ser
370 375 380

Ser Glu Ser Lys Gln Lys Arg Ile Lys Phe Asp Val Leu Leu Thr Ser
385 390 395 400

Tyr Glu Met Ile Asn Leu Asp Ser Ala Val Leu Lys Pro Ile Lys Trp
405 410 415

Glu Cys Met Ile Val Asp Glu Gly His Arg Leu Lys Asn Lys Asp Ser
420 425 430

Lys Leu Phe Ser Ser Leu Thr Gln Tyr Ser Ser Asn His Arg Ile Leu
435 440 445

Leu Thr Gly Thr Pro Leu Gln Asn Asn Leu Asp Glu Leu Phe Met Leu
450 455 460

Met His Phe Leu Asp Ala Gly Lys Phe Gly Ser Leu Glu Glu Phe Gln
465 470 475 480

Glu Glu Phe Lys Asp Ile Asn Gln Glu Glu Gln Ile Ser Arg Leu His
485 490 495

Lys Met Leu Ala Pro His Leu Leu Arg Arg Val Lys Lys Asp Val Met
500 505 510

Lys Asp Met Pro Pro Lys Lys Glu Leu Ile Leu Arg Val Asp Leu Ser
515 520 525

Ser Leu Gln Lys Glu Tyr Tyr Lys Ala Ile Phe Thr Arg Asn Tyr Gln
530 535 540

Val Leu Thr Lys Lys Gly Gly Ala Gln Ile Ser Leu Asn Asn Ile Met
545 550 555 560

Met Glu Leu Arg Lys Val Cys Cys His Pro Tyr Met Leu Glu Gly Val

565

570

575

Glu Pro Val Ile His Asp Ala Asn Glu Ala Phe Lys Gln Leu Leu Glu

580

585

590

Ser Cys Gly Lys Leu Gln Leu Leu Asp Lys Met Met Val Lys Leu Lys

595

600

605

Glu Gln Gly His Arg Val Leu Ile Tyr Thr Gln Phe Gln His Met Leu

610

615

620

Asp Leu Leu Glu Asp Tyr Cys Thr His Lys Lys Trp Gln Tyr Glu Arg

625

630

635

640

Ile Asp Gly Lys Val Gly Gly Ala Glu Arg Gln Ile Arg Ile Asp Arg

645

650

655

Phe Asn Ala Lys Asn Ser Asn Lys Phe Cys Phe Leu Leu Ser Thr Arg

660

665

670

Ala Gly Gly Leu Gly Ile Asn Leu Ala Thr Ala Asp Thr Val Ile Ile

675

680

685

Tyr Asp Ser Asp Trp Asn Pro His Ala Asp Leu Gln Ala Met Ala Arg

690

695

700

Ala His Arg Leu Gly Gln Thr Asn Lys Val Met Ile Tyr Arg Leu Ile

705

710

715

720

Asn Arg Gly Thr Ile Glu Glu Arg Met Met Gln Leu Thr Lys Lys Lys

725

730

735

Met Val Leu Glu His Leu Val Val Gly Lys Leu Lys Thr Gln Asn Ile

740

745

750

Asn Gln Glu Glu Leu Asp Asp Ile Ile Arg Tyr Gly Ser Lys Glu Leu

755

760

765

Phe Ala Ser Glu Asp Asp Glu Ala Gly Lys Ser Gly Lys Ile His Tyr

770

775

780

Asp Asp Ala Ala Ile Asp Lys Leu Leu Asp Arg Asp Leu Val Glu Ala

785

790

795

800

Glu Glu Val Ser Val Asp Asp Glu Glu Glu Asn Gly Phe Leu Lys Ala

805

810

815

Phe Lys Val Ala Asn Phe Glu Tyr Ile Asp Glu Asn Glu Ala Ala Ala

820

825

830

Leu Glu Ala Gln Arg Val Ala Ala Glu Ser Lys Ser Ser Ala Gly Asn

835

840

845

Ser Asp Arg Ala Ser Tyr Trp Glu Glu Leu Leu Lys Asp Lys Phe Glu

850

855

860

Leu His Gln Ala Glu Glu Leu Asn Ala Leu Gly Lys Arg Lys Arg Ser

865

870

875

880

Arg Lys Gln Leu Val Ser Ile Glu Glu Asp Asp Leu Ala Gly Leu Glu
885 890 895

Asp Val Ser Ser Asp Gly Asp Glu Ser Tyr Glu Ala Glu Ser Thr Asp
900 905 910

Gly Glu Ala Ala Gly Gln Gly Val Gln Thr Gly Arg Arg Pro Tyr Arg
915 920 925

Arg Lys Gly Arg Asp Asn Leu Glu Pro Thr Pro Leu Met Glu Gly Glu
930 935 940

Gly Arg Ser Phe Arg Val Leu Gly Phe Asn Gln Ser Gln Arg Ala Ile
945 950 955 960

Phe Val Gln Thr Leu Met Arg Tyr Gly Ala Gly Asn Phe Asp Trp Lys
965 970 975

Glu Phe Val Pro Arg Leu Lys Gln Lys Thr Phe Glu Glu Ile Asn Glu
980 985 990

Tyr Gly Ile Leu Phe Leu Lys His Ile Ala Glu Glu Ile Asp Glu Asn
995 1000 1005

Ser Pro Thr Phe Ser Asp Gly Val Pro Lys Glu Gly Leu Arg Ile Glu
1010 1015 1020

Asp Val Leu Val Arg Ile Ala Leu Leu Ile Leu Val Gln Glu Lys Val

1025 1030 1035 1040

Lys Phe Val Glu Asp His Pro Gly Lys Pro Val Phe Pro Ser Arg Ile

1045 1050 1055

Leu Glu Arg Phe Pro Gly Leu Arg Ser Gly Lys Ile Trp Lys Glu Glu

1060 1065 1070

His Asp Lys Ile Met Ile Arg Ala Val Leu Lys His Gly Tyr Gly Arg

1075 1080 1085

Trp Gln Ala Ile Val Asp Asp Lys Glu Leu Gly Ile Gln Glu Leu Ile

1090 1095 1100

Cys Lys Glu Leu Asn Phe Pro His Ile Ser Leu Ser Ala Ala Glu Gln

1105 1110 1115 1120

Ala Gly Leu Gln Gly Gln Asn Gly Ser Gly Gly Ser Asn Pro Gly Ala

1125 1130 1135

Gln Thr Asn Gln Asn Pro Gly Ser Val Ile Thr Gly Asn Asn Asn Ala

1140 1145 1150

Ser Ala Asp Gly Ala Gln Val Asn Ser Met Phe Tyr Tyr Arg Asp Met

1155 1160 1165

Gln Arg Arg Leu Val Glu Phe Val Lys Lys Arg Val Leu Leu Leu Glu

1170 1175 1180

Lys Ala Met Asn Tyr Glu Tyr Ala Glu Glu Tyr Tyr Gly Leu Gly Gly
1185 1190 1195 1200

Ser Ser Ser Ile Pro Thr Glu Glu Pro Glu Ala Glu Pro Lys Ile Ala
1205 1210 1215

Asp Thr Val Gly Val Ser Phe Ile Glu Val Asp Asp Glu Met Leu Asp
1220 1225 1230

Gly Leu Pro Lys Thr Asp Pro Ile Thr Ser Glu Glu Ile Met Gly Ala
1235 1240 1245

Ala Val Asp Asn Asn Gln Ala Arg Val Glu Ile Ala Gln His Tyr Asn
1250 1255 1260

Gln Met Cys Lys Leu Leu Asp Glu Asn Ala Arg Glu Ser Val Gln Ala
1265 1270 1275 1280

Tyr Val Asn Asn Gln Pro Pro Ser Thr Lys Val Asn Glu Ser Phe Arg
1285 1290 1295

Ala Leu Lys Ser Ile Asn Gly Asn Ile Asn Thr Ile Leu Ser Ile Thr
1300 1305 1310

Ser Asp Gln Ser Lys Ser His Glu Asp Asp Thr Lys Pro Asp Leu Asn
1315 1320 1325

Asn Val Glu Met Lys Asp Thr Ala Glu Glu Thr Lys Pro Leu Arg Gly
1330 1335 1340

Gly Val Val Asp Leu Asn Val Val Glu Gly Glu Glu Asn Ile Ala Glu

1345 1350 1355 1360

Ala Ser Gly Ser Val Asp Val Lys Met Glu Glu Ala Lys Glu Glu Glu

1365 1370 1375

Lys Pro Lys Asn Met Val Val Asp

1380

<210> 3

<211> 9353

<212> DNA

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 3

atgagtagtt tggtaggag gcttcgcata cgatctgata ggaaaccagt ttataaccta 60

gatgattctg atgatgacga ctctgttcct aaaaaagatc gaacctttga gcaagtcgag 120

gctattgtca gaactgatgc ggtttggttc tcctctcgag cttattgttc agcttttact 180

gttttatgtg ttctatttta atcctttttt ttgtgttggt actctgaatt tgtagaaaga 240

aaatgcatgt caggcttggt gggaagtagc taatcttgta agctgcaata catgcactta 300

tgcgttccat gctaaatgct tagttccacc tcttaaagat gcttccgtgg aaaattggag 360

atgccctgaa tgtgtaagat tttagttacg gtccacaatt atgttttggg atgctacagg 420
 ttccatTTTT cttacatgga agaattgttg tttacatttg caggttagtc ctcttaacga 480
 gatagataag atattggatt gtgaaatgcg tcctacaaaa tctagtgaac aaggttcctc 540
 cgatgcggaa ccgaagccaa tttttgtgaa acagtatctc gtgaagtgga agggattatc 600
 ataccttcac tgctcttggg agttactgcg tgtctTTTT gctgtctgga cagctaatt 660
 atcaatgttt ctttctgtga acactataat atgtgattta tttcctttta ctaatcatag 720
 ggtgcctgag aaggagttcc agaaggctta taagtcaaatt catcgtttaa aaaccagagt 780
 gaacaatttt caccgtcaaa tggagtcatt caataacagc gaagatgatt ttgttgccat 840
 acgtcctgag tggaccactg ttgatcggat tcttgcctgc aggtctagag aatggaatta 900
 attcctttat ttatctatct gccaaactttt tttttaatat ccttgttttc agcataatcc 960
 attctctaatt aaacacgtat ctttgataga gtgctgctta acctaaattt actgttatca 1020
 cgattttggg tctctgaaac atgataaatg acctgcttac cttttttttc ttctttttta 1080
 gttaccattt tcttagttgt ttcgtaaatac aggaattgtg acagttgcat tggtttcttt 1140
 tatgatatag agaggaagat ggggagctgg aatatcttgt caaatataaa gagctatcct 1200
 atgatgaatg ttattgggag tcagaatcag acatctcaac cttccagaat gaaattcaaa 1260

gggtcaagga tgtaaattct agaactcgca gaagtaaaga tggtgaccat aaaagaaatc 1320
 ccagagactt tcaacagttt gatcatactc ctgaattcct caaaggtatt tggatcacct 1380
 taaatcatat actataaatg tttcttatat ttggtactta tagatgttat gatttatttg 1440
 tttcctgcga ttgaaggctt gttacatcca taccagcttg agggacttaa tttttgcgg 1500
 ttctcgtggt caaacagac gcatgtaatc cttgctgatg aaatgggact aggtaatttt 1560
 tcaattgtcc cacttgggtg gtcacataga tcttttcac cattgtaagg ggcctttgtt 1620
 ttctattcct gtaatgttgt gagatttttc ctgttacagg caagacaatt caaagcattg 1680
 cccttttagc ttcacttttt gaggagaacc tcattccgca tttggttaatt gtcctcttat 1740
 cgactctgcg taactgggag agagagtttg ccacatgggc cccacagatg aacgttgtat 1800
 gtatgcagtt atacacgcaa tgatctgtgc catttgtatg tttttgttgt ttgttaatgg 1860
 aatggtcttc gtggtcattt gacgggtagg ttatgtattt tggcactgcg caagctcgag 1920
 cagttatcag agaacatgag ttttacttat cgaaagatca aaaaaagatc aagaaaaaga 1980
 aatctggaca aataagtagc gaaagcaagc aaaaaagaat caagtttgat gtcctcctca 2040
 catcgtatga gatgatcaac ctagattcag cagttctaaa accaattaag tgggagtgc 2100

tggtactct tattctctaa tgagacttta ctttctctta gtcgtctctc tttctctctt 2160
acatgttgcc tagtaacaat tgttttgggc agattgttga tgaaggatcat cgactgaaaa 2220
ataaggattc aaagctgttc tcttcattga cacagtattc aagtaaccac cgtattcttc 2280
tgacaggaac accacttcag gttcgtcatt tgagtttgat ttctgaagtt tatactttca 2340
atagttgtat ctgagcatag tagctacgat ttgcaatgag aattgttata tattatcttg 2400
cactaatgtc ttacctgatt agttgcaata tgttactgat gattatgtgg tgcctttaca 2460
gaacaacttg gatgaacttt tcatgctcat gcattttctt gatgcgggga aggtatcaca 2520
agaatagcaa agataaataa gttcgcatac ttaacagaat tttatgtagc taacatgtta 2580
tttgattgca caatacttgc agtttggaag tttggaggag ttccaggagg agttcaaaga 2640
tattaatcaa gaggagcaga tctcaagggt gcacaaaatg ttggctccac atttgctcag 2700
aagtattaac caaaactatt tgttcactct ttttaattta tatgtgtttc aaaagtttgg 2760
ttggagggaa tctttcatag taataatfff atgatcttaa ccatgctgtc tcgtatfttg 2820
attgctcttc caggggtaaa aaaagacgta atgaaagaca tgccccccaa aaaggagctc 2880
atfttgctg ttgatctgag cagtctgcag aaagaatatt acaaagctat ttttaccgt 2940
aattatcaag tattgacaaa aaaggggaggt gctcaagtaa gttctfttta atftttgttt 3000

acactttttg gatcattaac cctcataggt ggggtagaaa ccaggtcaac tgtaatcgtc 3060

tagtgaatgt attggtctat ttctgtttca gatttccctt aataacatta tgatggaatt 3120

acgaaaagta tgctgccatc cttatatgct agagggtgtt gagccagtta ttcacgacgc 3180

aatgaagct ttcaagtaat atctcatttc ccaaaaatgg ttatctgttt attactactt 3240

attaaagtcg tctgctaact tttgcgttga acgttttctt atatgtatca aagacaactt 3300

ttggagtctt gtggaaagct gcaacttcta gataaaatga tggtaaact gaaagagcaa 3360

ggacacagag tcctaataa cacacagttt cagcatatgc tggacttact tgaagactac 3420

tgtacccata aggtatttga acttcttata tgtacagtct gtttcagtag attttcattc 3480

ttgttgtttt tgtagaatat cattttgaca ctgtagaatc aactctacca ttttctagt 3540

ttagagtact taggcacaat tatggaaata caagcatgtg ctgaaattga gagtatatga 3600

gcattctgtg cccaactgaa agagcaaaga cacaagttt cttataaac acagtacaaa 3660

tcacaagttt agccatcttc tatgtacagt agttttccaa taggtcgagc atgtgctgaa 3720

actgtgtgta cagagttctc ataaacacac agtttcagca tatgctggat ctacttgaag 3780

actactgttc ttataaggta ctgaacttgt tatctgtact gcgtatatac gagatctctg 3840

tattcttgct cttttatfff gacactttgt tctcatatac actcggttca gcacatgctc 3900

gacttactgc ctaaggatct tgaaaaaggt agagttgatt ctatgtctag gtgcaattac 3960

tttcttagaa tttttgtcat tacttactct gttggcaata taacttcttt attccctcaa 4020

agattacttt ttttggtttc ttgaaatgcc attatcaata ccattgcttt tgctgacgca 4080

tgcacttgag acaacttggt tttatctctt tctagcacat ttttttttaa catgcagtta 4140

aggaaaattc tcatatgatt tacgctgttc attttcttgt ctttgtcaga aatggcagta 4200

cgagcgaatt gatggaaagg ttggcggagc tgagcggcaa atacgcatag atcggttcaa 4260

tgccaaaaat tctaacaagt tttgtttttt gctctccaca agagctgggtg gcttaggaat 4320

aaatcttgca acggctgata cagtaatcat ttatgacagg tttgaatttc agcttctctt 4380

agtgtcatct gtactctttt catagttatt gtgtcaagct gtaagaggaa ctatttggct 4440

tgatagcata atattttgga agtttaatgt tgatttttaa gtgaattggg ttgtgatgag 4500

tgataaaaag gcaattggct tttttccaat aacagctatt tcttgaacat ggatgttcta 4560

agacagcagg aagatcagga aaattattaa ccgctatctt gctaataatt agattttgta 4620

ggcatgcaat atgggtggcg tccatgggat cctgcttgga tggcagtttg ttttggttta 4680

cgctgttca cattttcata cgtacgattg aaactgtttt atctgtttct gtagtgactg 4740

gaatcctcat gctgatcttc aagcaatggc tagagctcat cgacttggcc aaacaaataa 4800
 ggttttaaat tttatctctt agtgctgtca acttgcaatt ttgtgttctt tttttagt 4860
 tccctaattt tccttatatt ttccttttagg tgatgattta taggctcata aaccgaggca 4920
 ccattgaaga aaggatgatg caattgacta aaaagaaaat ggttctagag catcttggtg 4980
 ttgggaaact caaaacacaa aacattaatc aggtaaactt ttattgcttg aagccttttt 5040
 acttgattac aaatttctca acggattgga gctggaaggt agaaattcca agaagaacac 5100
 cttcggttat aacttataag tgtgaaatta aaagataaaa actttagaga gaaggggtcc 5160
 atatttgta attgtttgtc actaagtatg tgtttgtttt gttttcctga ctgcaattta 5220
 ggaagagta gatgacatca tcaggtatgg atcaaaggag ctttttgcta gtgaagatga 5280
 tgaagcagga aagtctggaa aaattcatta tgatgatgcg gctatagaca agtaatagac 5340
 tccttactct tttcctcttg ttttgttttt gattaacaag gatatctgat ctttccgatt 5400
 gctcctttct tatgaaagct tttgcagtca attgcatggg cgtatttcat tatttgtctc 5460
 tatcttctgt tctgcagatt gcttgatcgt gatctcgtgg aggcagagga agtctcagt 5520
 gatgatgaag aggagaatgg attcttaaag gctttcaagg ttttcttgcc tcttactatt 5580

cttcctcttc tattagtttt ctctgaatca gtgtttactg atttcaatgc tccattggag 5640

tctatgctta attgtattct tatattccat gatattcaga ctgtggttgg ctatcgaaat 5700

cccttctgct gtgcacaatc ttgtcaaac attacgtgct aagttttag gatcaataca 5760

ctttatgcca gtgcgcttg atgcttatag acagtcttta gaaagtgtct attgattgtt 5820

cgttccggct caatgtgaaa gccaaactta tgaaaattag tgatgatgac ttaagttaga 5880

aatttatgct tgtggtgatg ttgattgagc caatttattg atttggttat atttcttttg 5940

aaccctgac atattgaatg cgttatatga gtggtcttta gacttagctg gaacataagg 6000

ctgtgtcctg cattgctgct tgtcacctct taatattcga actccctaaa acattgtttg 6060

tctttgtgtg catatagaac tgttctgaag caaatagggt gtctggtact gtttagtgct 6120

attaactctg aaaatgattt cccttgtaag attctgtgat cttcctgtat tgtaggtggc 6180

taattttgaa tatatagatg aaaatgaggc agcagcatta gaggcacaga gagtcgctgc 6240

tgaaagcaaa tcttcagcag gcaattctga tagagcaagt tattgggaag agttgttaaa 6300

agataaattt gagctgcacc aggctgagga gcttaatgct cttggaaaaa ggaagagaag 6360

tcgcaagcag gtttggtctc ttcttgatcc cccttatcca attgtggcat catattgata 6420

actggatttt tcaccattta tgttctttct gattctgtcc tgtttcatat atttattcat 6480

gttgtctaac ttttcctttt gaattcctta ggtagctaaa ttcagaaagt aataatttag 6540

ttgactgtat ccttctaaat tgagaaagta taatttagtt gactgtatcc agtataaaac 6600

taaacgccct tgctctccta tcaactgggt tgacagatct tatgggttta catgttggat 6660

caagtaattg gggttggtag aggcctcaatt aactatagtc ttctgttttc ctctgcaaga 6720

aatacgtttt gtttcactct ctaacttgat atagctcaat tactgacaat atacattgggt 6780

ttggctctgcc atcatcgttt catgtctttc aataaaggct gttctaattc ttctatggga 6840

tttttttcat agttgggtatc cattgaagaa gatgatcttg ctggtttggga agatgtgagc 6900

tctgatggag atgaaagtta tgaagctgag tcaacagatg gtgaagcagc aggacaagga 6960

gttcagacgg gtcgacggcc gtacagaaga aagggtcgcg gtattaccac gtttcggatt 7020

taattttaatt tgtaatggag ctgaaaatga ctgatattag aagtgtgcgc agtttattag 7080

atgagttttt tttctataga taatttggaa ccaactccgt tgatggaagg tgaggggaga 7140

tccttcagag tactgggttt caaccagagt caaagggccca tttttgtaca gactttgatg 7200

aggtatctac tttcattaa ggcctttaga cgccagaagc tattctgtct aaattttaca 7260

gtttcatccc ccgatgcac taaattatca tcagtcttgt ggtgctcaat atttacaagt 7320

ttttccggtt ggacaaaata attgcaggta tggagctggc aattttgatt ggaaggagtt 7380
 tgttcctcgc ttaaagcaga agacctttga agaaataaat gagtacgggc tcaacccttt 7440
 aatgctcttc tcttctgctt ctttacaaaa aacgcacat tataaaaagg ctttctggtt 7500
 tattcttta ctaatttttt aatgactggt tctcagatat ggaatactct tcttgaagca 7560
 cattgctgaa gaaatagacg agaattctcc aaccttttca ggtgatcgat aattgatatt 7620
 ttcactgttt gctgcttttc cctaaatgag atcattgctt ctctgttaa ccggttaa 7680
 gtattaatat aatggctggt gtctatagat ggtgtgccca aggaaggact tagaatagaa 7740
 gatgttctag tcagaattgc tcttctgata ctagtccagg agaaggtag tctattgact 7800
 ttaattcttc attaagttct ctcttttata tctgagtttt tttttggtat atgttacttc 7860
 tagtctatag tttagctctg tacataagtt ttttaatacag taatgtatgt tcaaacctca 7920
 ctaagatttg gatcccggt tacttatggt tttttggtgc tctggcccga caggtgaaat 7980
 ttgtagaaga tcatccaggg aaacctgttt tcccctctcg cattcttgaa agattccccg 8040
 gactgagaag tggaaaaatt tggaaggagg aacatgacaa gataatgata cgtgctgttt 8100
 taaagtatga acctgcacc actgttctta ccgaatggtt ttattttctc atcattctcc 8160
 attacttgct cacattttct tttccttctc tggaatttg aatctttagg catgggtacg 8220

gacggtggca agctattggt gatgacaaag agttggggat ccaagagctt atctgcaaag 8280

aattgaattt ccctcacata agtttgtctg ctgctgaaca agctggtttg caggggcaga 8340

atggtagtgg gggctctaata ccgggagcac agactaacca gaatcctgga agcggttatta 8400

ctgggaacaa taatgcttct gctgatgggg ctcaagtaaa ctgatgttc tattatcggg 8460

acatgcagag acgacttggt gagtttgtga aaaagcgagt tctgcttttg gagaaggcga 8520

tgaattatga atacgcagag gaatattatg tatgttgtac catctgcagt gttggtactt 8580

actcacatgt tttgcgctga attgtttaac tttgattgaa tctctggttg cagggacttg 8640

gtggctcatc atctatccct actgaagaac cagaagctga accaaagatc gctgacacag 8700

tgggagtga ctttattgag gttgatgatg aaatgcttga tggacttcct aagactgatc 8760

ctatcagtaa gttccatcac aagtttcttt atttaacgag ttgttgattc taatgtgagc 8820

tctctgaatc tcgctgcagc ttcagaagaa attatggggg ctgctgttga caacaaccaa 8880

gcgcgggtcg aaatagctca acattataac caggtaagct atgctttttt cctttggttg 8940

taggctaattg tctagaacta gtatatcaca ctaatatctc tccggttatt cagatgtgca 9000

aacttcttga tgagaacgct cgggaatcag tccaagcata tgtaaacaac caaccaccga 9060

gtaccaaggt gaatgagagc ttccgtgcac tcaaattctat caatggtaac attaacacaa 9120

tcctttcgat tacatctgat caatccaagt cacatgaaga cgacaccaag ccagacctaa 9180

acaatgttga gatgaaggac acggccgaag aaacaaaacc gttaagaggt ggcgtcgtcg 9240

atctgaatgt ggtggaggga gaggagaaca ttgctgaagc tagtggaagt gttgatgtaa 9300

aaatggaaga agccaaagaa gaagagaagc caaagaacat ggtcgttgat tga 9353

<210> 4

<211> 1403

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 4

atgaacctta aggagacgga gctttgtctt ggcctccccg gaggcactga aaccgttgaa 60

agtccggcca agtcgggtgt tgggaacaag agaggcttct ccgagaccgt tgatctcaaa 120

cttaattcttc aatctaacaa acaaggacat gtggatctca acactaatgg agctcccaag 180

gagaagacct tccttaaaga cccttctaag cctcctgcta agtaagtctt atttacacaa 240

ttccttaaga agaagacctt ccttaaaagg gaagactttt tttttttttt tttgagataa 300

aaagactaat agttgatata aaagttctta aaatacatat atatgaaaga tgtaaggatg 360

cataagtaat aacgttattg aatgtgtgtg tgtgttgta tattctatgc agagcacaag 420

tggtaggttg gccatcggcg aggaactacc ggaaaaatgt tatggctaag cagaagagcg 480

gcgaagcaga ggaggcaatg agtagtggtg gaggaaccgt cgcctttgtg aaggtttcca 540

tggatggagc tccttatctt cggaagggtg acctcaagat gtacaccagc tacaaggatc 600

tctctgatgc cttggccaaa atgttcagct cctttaccat gggtagcat tttcagacat 660

ataagtcgaa ttatcattat ttttttgtg tttacttaca atttttctt ttttaacgata 720

cagttttttc catatacgac taattaatat gataagtttt gggattttga ttaattaagg 780

gagttatgga gcacaaggga tgatagattt catgaacgag agtaaagtga tggatctgtt 840

gaacagttct gagtatgttc caagctacga ggacaaagat ggtgactgga tgctcgttgg 900

tgatgtcccc tggccgtgag tttcctcatt cttcttgctt tcattattat gacaaaaatt 960

attctctaaa caaaaaaaaaac aatattctct aaagcattat tattgatatt acttatcaaa 1020

aaaatacaca aaatgataat caatatccat gtgttataaa cacgcacagc catcttttgg 1080

ttggcatggg acagaactca gagacagaga agatgtttat atataaatac taactcatca 1140

atatgttacc tcattttagt ctggcacata ttctttcact ttcaatagat ttctaaattt 1200

agtcaccaac ccaaatcccg atttcaggat gtttgtcgag tcatgcaaac gtttgcgcac 1260

aatgaaagga tccgaagcaa ttggacttgg taagttttct tttctgttcg tttctataag 1320

tggctctttt ctgtttttcc aataatgctc gtgttttttt ttcagctcca agagcaatgg 1380

agaagttcaa gaacagatca tga 1403

<210> 5

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer

IAA14-F1 for IAA14 gene

<400> 5

catattctga tttaagacat a 21

<210> 6

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Reverse primer

IAA14-R1 for IAA14 gene

<400> 6

aatcaatgca tattgtcctc t

21

<210> 7

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer

IAA14-F2 for IAA14 gene

<400> 7

ttatggctaa tcagaagagc g

21

<210> 8

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer

IAA14-F3 for IAA14 gene

<400> 8

tattctctaa acaaaaaaaaa c

21

<210> 9

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer

SSL2-F1 for SSL2 gene

<400> 9

aattcgactt ctgggtactc a

21

<210> 10

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Reverse primer

SSL2-R1 for SSL2 gene

<400> 10

aaattaagtc cctcaagctg g

21

<210> 11

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer

SSL2-F2 for SSL2 gene

<400> 11

actctgaatt ttagaaaga a

21

<210> 12

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer

SSL2-F3 for SSL2 gene

<400> 12

gaagatgatt ttgttgccat a

21

<210> 13

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer

SSL2-F4 for SSL2 gene

<400> 13

aagatgggga gctggaatat c

21

<210> 14

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Reverse primer

SSL2-R2 for SSL2 gene

<400> 14

ggctcaacac cctctagcat a

21

<210> 15

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer

SSL2-F5 for SSL2 gene

<400> 15

catccataacc agcttgaggg a

21

<210> 16

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer

SSL2-F6 for SSL2 gene

<400> 16

caagtttgat gtcctcctca c

21

<210> 17

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer

SSL2-F7 for SSL2 gene

<400> 17

acatgcccc caaaaaggag c

21

<210> 18

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Reverse primer
SSL2-R3 for SSL2 gene

<400> 18

ccatcaattc gctcgtagtg c

21

<210> 19

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer
SSL2-F8 for SSL2 gene

<400> 19

atgtgctgaa actgtgtgta c

21

<210> 20

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer

SSL2-F9 for SSL2 gene

<400> 20

ccattgcttt tgctgacgca t

21

<210> 21

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Reverse primer

SSL2-R4 for SSL2 gene

<400> 21

ttcgatagcc aaccacagtc t

21

<210> 22

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer
SSL2-F10 for SSL2 gene

<400> 22

ggcatgcaat atgggtggcg t

21

<210> 23

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer
SSL2-F11 for SSL2 gene

<400> 23

tcaggtatgg atcaaaggag c

21

<210> 24

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Reverse primer
SSL2-R5 for SSL2 gene

<400> 24

ctccccctcac cttccatcaa c

21

<210> 25

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer
SSL2-F12 for SSL2 gene

<400> 25

gtgcacaatc ttgtcaaatc a

21

<210> 26

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer
SSL2-F13 for SSL2 gene

<400> 26

gaggcacaga gagtcgctgc t

21

<210> 27

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer
SSL2-F14 for SSL2 gene

<400> 27

tatacattgg ttggtctgc c

21

<210> 28

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Reverse primer
SSL2-R6 for SSL2 gene

<400> 28

gtagggatag atgatgagcc a

21

<210> 29

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer

SSL2-F15 for SSL2 gene

<400> 29

ccccgatgca tctaaattat c

21

<210> 30

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer

SSL2-F16 for SSL2 gene

<400> 30

actagttcag gagaaggtga g

21

<210> 31

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Forward primer

SSL2-F17 for SSL2 gene

<400> 31

acatgcagag acgacttggt g

21

<210> 32

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Reverse primer

SSL2-R7 for SSL2 gene

<400> 32

cggacttcat cgaacctatt c

21

【図面の簡単な説明】

【図 1】 SSL2ゲノム遺伝子（野生型）の塩基配列を示す図。

【図 2】 SSL2ゲノム遺伝子（野生型）の塩基配列（図 1 のつづき）を示す図。

【図 3】 SSL2ゲノム遺伝子（野生型）の塩基配列（図 2 のつづき）を示す図。

【図 4】 SSL2ゲノム遺伝子（野生型）の塩基配列（図 3 のつづき）を示す

図。

【図 5】 SSL2ゲノム遺伝子（野生型）の塩基配列（図 4 のつづき）を示す

図。

【図 6】 SSL2ゲノム遺伝子（野生型）の塩基配列（図 5 のつづき）を示す

図。

【図 7】 SSL2ゲノム遺伝子（野生型）の塩基配列（図 6 のつづき）を示す

図。

【図 8】 IAA14変異遺伝子の塩基配列を示す図。

【書類名】

図面

【図 1】

SSL2 ゲノム遺伝子（野生型）の塩基配列

ATGAGTAGTTTGGTGGAGAGGCTTCGCATACGATCTGATAGGAACCCAGTTTATAACCTAGATGATTCTGATGATG	76
ACGACTTCGTTCCCTAAAAAGATCGAACCTTTGAGCAAGTCGAGGCTATTGTCAGAACATGATCGGgtttgtttctc	152
ctctcgagcttattgttcagcttttactgttttatgtgttctattttaatcctttttttgtgtgttactctgaa	228
tttgtagAAAGAAAATGCAIGTCAGGCTTIGTGGGAAAGTACTAATCTTGTAAAGCTGCAATACATGCACITATGCG	304
TTCCAIGCTAAATGCTTAGTTCACCCICTTAAAGATGCTTCCGTGGAAAATTGGAGATGCCCTGAATGtgaagat	380
tttagttacgggtccacaattatgttttgggatgctacaggttccatttttcttacctggaagaattgtgtttaca	456
tttgcagGTTAGTCCCTCTTAACGAGATAGATAAGATATTGGATTGTGAAATGCGTCCACAAAATCTAGTGAACAA	532
GGTTCCTCCGATCGGGAACCGAAGCCAAATTTTGTGAACAGTATCTCGTGAAGTGAAGGATTATCATACCTTC	608
ACTGCTCTTGGtagttactgctgtctttttgtctgtctggacacgctaattatacaatgtttcttctgtgaacac	684
tataatatgtgatttatttccttttactaatcatagGGTGGCTGAGAGGAGTCCAGAGGCTTATAAGTCAAAAT	760
CATCGTTTAAACCAGAGTGAACAAATTTACCCGTCAAATGGAGTCAATTCAAATACAGCGAAGATGATTTTGTG	836
CCATACGTCCGTGAGTGGACCACIGTTGATCGGATTCCTTGCCGTGCAGgtctagagaatggaattaatccttattt	912
atctatctgccaaactttttttaatatccttggttttcagcataatccattctctaataaacacgtatctttgata	988
gagtgctgttaacctaaatttactgttatcacgatttttgggtctctgaaacatgataaatgacctgttaccttt	1064
tttttctctttttaagttaccattttcttagttgttcgtaaatcaggaaattgtgacagttgcattgtgtttcttt	1140
tatgatatagAGAGGAAGATGGGGAGCTGGAAATATCTTGTCAAAATATAAGAGGCTATCCTATGATGAATGTTATTG	1216
GGAGTCAGAAATCAGACATCTCAACCTCCAGAAATGAAATTCAAAGGTTCAGGATGTAAATCTAGAACTCGCAGA	1292

【図 2】

AGTAAAGATGTTGACCATAAAAGAAATCCAGAGACTTCAACAGTTTGATCATACTCCIGAAATTCCTCAAAGgta 1368
 ttggatcaccttaatacatactataataatgtttcttataatttggtactatagatgttatgatttattgtttc 1444
 ctgcgattgaaggCTTGTIACATCCATACCAGCTIGAGGGACTTAAATTTTGGGGTTCTCGTGGTCAAAACAGAC 1520
 GCATGTAAATCCTTGCTGATGAAATGGGACTAGgtaatttttcaattgtcccacttgggtggtcacatagatctttt 1596
 catccattgtaagggcccttgttttctattcotgtaatgtgtgagatttttccgtttacagGCAAGACAATICA 1672
 AAGCATTGCCCTTTIAGCTTCACITTTTGAGGAGAACCTCAITCCGCATTTGGTAATTGCTCCTCTATCGACTCTG 1748
 CGTAAGTGGGAGAGAGATTGCCACATGGGCCCCACAGATGAACGTGgtatgtatgcagttatacacgcaatgat 1824
 ctgtgccatttgtatgttttgtttgttaatgggaatggctcttcgttggtcatttgacgggtagGTIATGTATTT 1900
 TGGCACCTGCGCAAGCTCGAGCAGTTATCAGAGAACATGAGTTTTACTTATCGAAAGATCAAAAAGATCAAGAAA 1976
 AAGAAATCTGGACAAATAAGTAGCGAAAGCAAGCAAAAAGAAATCAAGTTTGATGTCCTCCTCACATCGTATGAGA 2052
 TGATCAACCTAGATTTCAGCAGTTCTAAAACCAATTAAATGGGAGTGCAIGgtaactcttattctctaatgagactt 2128
 tactttctcttagtcgtctctcttctctcttctctacatgttgcctagtaacaattgttttgggcagATTGTGATGAA 2204
 GGTCATCGACTGAAAAATAAGGATTCAAAGCTGTCTCTCAITGACACAGTATTCAAGTAACCCGTAATCTTC 2280
 TGACAGGAACACCCACTTCAGgttcgtcatttgagtttgatttctgaaagtttataactttcaatagttgtatctgagc 2356
 atagtagctacgatttgcaatgagaattgttatataattatcttgcactaatgtcttacctgattagttgcaatatg 2432
 ttactgatgattatgtgtgcctttacagAACAACTTGGATGAACITTTTCATGCTCATGCATTTTCTTGAATGCGGG 2508
 GAAGgtatcacagaatagcaaaagataaagtctgcataacttaacagaattttatgtagctaacatgttatttg 2584
 attgcacaataacttgcagTTTGGAAAGTTTGGAGGAGTTCAGGGAGTTCAAAGATATTAAATCAAGAGGAGCAGA 2660

【図 3】

TCICAAGGTTCACAAAAATGTTGGCTCCACATTTGCTCAGAAgtattaaccaaactatattgttcatcttttta 2736
 ttatatgtgtttcaaaagtgttggtggagggaatctttcatagtaataatatttatgatcttaaccatgctgtctc 2812
 gtatttgattgctcttccagGGGTAAAAAGACGTAATGAAAGACATGCCCCCAAAAGGAGCTCATTTTGGG 2888
 TGTGATCTGAGCAGTCIGCAGAAAGAATATTACAAAGCTATTTTACCCGTAATTATCAAGTATTGACAAAAAAG 2964
 GGAGGTGCTCAAgtaagttcttttaattttgtttacactttttggatcattaaacctcataggtgggtagaaa 3040
 ccaggtaactgtaatcgtctagtgaaatgtattggctctatttctgtttcagATTTCCCTTAATAACATTAIGATGG 3116
 AATTACGAAAAGTATGCTGCCATCCTTATAATGCTAGAGGGTGTGAGCCAGTTATTCACGACGCAATGAAGCTTT 3192
 CAAGtaatatctcatttcccaaaaatggttatctgtttattactactatttaaagtcgtctgctaaacttttgcgtt 3268
 gaacgttttcttatatgtatcaaaagACAACCTTTTGGAGTCTTTGGAAAGCTGCAACTTCTAGATAAAATGATGGT 3344
 CAAACTGAAAGAGCAAGGACACAGAGTGCTAATAATACACACAGTTTCAGCATATGCTGGAAGTACTTGAAGACTAC 3420
 TGTACCCATAAGgtatttgaacttcttatatgtacagtcgtttcagtagattttcattctgtttgtttttaga 3496
 atatcattttgacacctgtagaatcaactctaccattttctagtgttagagtacttaggcacaaattatggaaaataca 3572
 agcatgtgctgaaattgagagtatatgagcattctgtgcccactgaaagagcaaaagacacaaagtttccttataa 3648
 acacagtacaaaatcaaaagtttagccatctctatgtacagtagttttccaataggtcgcagcatgtgtgaaaactg 3724
 tgtgtacagagttctcataaaacacacagtttcagcatalgtggatctacttgaagactactgttcttataaggta 3800
 ctgaacttggttatctgtactgcgtatatacagagatctctgtattctgtcttttattttgacactttgttctcat 3876
 atacactcgggttcagcacatgctcgacttactgcctaaggatcttgaaaaaggtagagttgattctatgtcttaggt 3952
 gcaattactttcttagaaattttgtcattacttactctgttggaataataaactctttattccctcaagattact 4028

【図 4】

ttttttggtttcttgaaatgccattatcaataaccattgcttttctgaacgatgcacttgagacaaacttgtttta 4104
 tctctttctagcacattttttttaacatgcagttaaggaaaaattctcatatgatttacgctgttcatatttcttgt 4180
 ctttgtcagAAATGCCAGTACGAGGGAATTGATGGAAAGGTTGGCGGAGCTGAGCGGCAAAATACGCATAGATCGGT 4256
 TCAATGCCAAAAATCTAACAAGTTTGTITTTTGCTCTCCACAAGAGCTGGTGGCTTAGGAATAAATCTTGCAAC 4332
 GGTGATACAGTAAATCAATTAAGACAGgtttgaatttcagcttctcttagtgtcatctgtactcttttcataagtta 4408
 ttgtgtcaagctgtaagaggaaactatttggcttgatagcataataatttgggaagtttaattgtgatttttaagtga 4484
 attgggttgatgagtataaaaaggcacttggctttttccaataaacagctatttcttgaacatggatgttcta 4560
 agacagcaggaagatcaggaaaaattattaaccgtatcttgctataataataattagattttgttaggcatgcaatatgggt 4636
 gggtccatgggacccctgttgatggcagtttggtttggtttacgcctgttcacatttccatacgtacgattgaa 4712
 actgttttatctgttctgtagTGACTGGAACTCTCATGCTGATCTTCAAGCAATGGCTAGAGCTCATCGACTTGG 4788
 CCAACAAATAAGgttttaaatattatctcttagtgtgtcaacttgcaattttgtgttctttttagtttccc 4864
 taatttcccttataatttccctttagGIGATGATTTATAGGCTCATAAACGGAGGCACCAATTGAAGAAAGGATGATG 4940
 CAATTGACTAAAAAGAAATGGTTCTAGAGCACTTGTGTGGGAACTCAAAACACAAAAACAATAATCAGgtaa 5016
 acttttattgcttgaagcccttttacttgattacaaaatttctcaacggattggagctggaggtagaaaattccaag 5092
 aagaacaccttcggttataaacttataaagtgtgaaaattaaaagataaaaacttttagagagaagggtccatatattgt 5168
 taattgtttgtcactaagtatgtgtttgttttctgactgcaatttagGAAGAGTTAGATGACATCATCAG 5244
 GTATGGATCAAAGGAGCTTTTGTAGTGAAGATGATGAAGCAGGAAAGTCTGGAAAAATTCATTAATGATGATGCG 5320
 GCTATAGACAAgtaataagactccttactcttttccctctgtgtttgttttgatttaacaaggatatctgatctttcc 5396

【図5】

gattgctcctttcttattgaaagcttttgagtcgaattgcagtgagggtatttcattattttgtctctatctctgttc 5472
 tgcagATTGCTTGATCGTGATCTCGTGGAGGCAGAGGAGTCTCAGTGGATGATGAAGAGGAGAAATGGATTCTTAA 5548
 AGGCTTCAAGgttttcttgccctcttactattctctctcttctattagttttctctgaaatcagtggtttactgattt 5624
 caatgctccattggagtcctatgcttaattgtattcttataattccatgatattcagactgtggttggctatcgaaat 5700
 cccctctgctgtgcacaaatcttgtcaaatcattacgtgctaagttgttaggatcaatacacatttatgccagttcgc 5776
 ttgatgcttatagacagtccttttagaaagtgtctattgattgttcggtccggtcgaatgtgaaagccaaacttaatg 5852
 aaaaatagtgatgacttaagttagaaaatttatgcttgtggtgatgttgattgagccaatttatgtatttggtt 5928
 atatttcttttgaaccctgatcattatgaaatgcgttatatgagtggtctttagacttagctggaacataaggctgt 6004
 gtccctgcattgctgtcaccctcttaataattcgaaactccctaaacattgtttgtcttctgtgcataatagaac 6080
 tgttctgaagcaaatagggtgtctggtactgtttagtgtcattactctgaaaatgatctcccttgtaagattctg 6156
 tgatcttccctgtattgtagTGGCTAATTTTGAATATATAGATGAAAATGAGGCAGCAGCATTAGAGGCACAGAGA 6232
 GTGGCTGCTGAAAGCAAATCTTCAGCAGGCAATCTGATAGAGCAAGTTATTGGGAAGAGTTGTTAAAGATAAAT 6308
 TTGAGCTGCACCGGCTGAGGAGCTTAATGCTCTTGGAAAAAGGAAGAGAGTCGCAAGCAGgtttggctctctct 6384
 tgatccccccttatccaattgtggcatcattatgataaactggatttttcaccatttatgttcttctgattctgtcc 6460
 tgtttcataataatttatcatgttgtctaaacttttcccttttgaaattcccttaggtagctaaattcagaaaagtaataat 6536
 ttagttgactgtatcccttctaaattgagaaaagtataaatttagttgactgtatccagtaataaaactaaacgcccttg 6612
 tcctcctatcaactggtttgacagatcttatgggttttacatgttggaatcaagtaattgggggttggtagaggctcaa 6688
 ttaactatagtccttctgttttccctctgcaagaaatacgttttgtttcactctctaaacttgatatagctcaattact 6764

【図 6】

gacaataacattggttctgcatcatcggttcatgtcttcaataaaggctgttctaattcttctatggga 6840
 ttttttccatagTGGTAICCAATTGAAGAAGATGATCTTGCTGGTTTGGAGAATGTGAGCTCTGATGGAGATGAAA 6916
 GTTATGAAGCTGAGTCAACAGATGGTGAAGCAGCAGGACAAGGAGTTCAGACGGGTCGACGGCGGTACAGAAGAAA 6992
 GGGTCGGGgtattaccacggttcggatttaatttaatttgtaattggagctgaaatgactgatatagaagtgtgc 7068
 gcagtttattagatgagttttttctctatagATAATTGGAACCAACTCCGTTGATGGAAAGGTGAGGGGAGATCTT 7144
 TCAGAGTACIGGGTTCAACCAGAGTCAAAGGGCCAATTTTGTACAGACTTTGATGAGgtatctactttccattaa 7220
 ggcctttagacgccagaagctattctgtctaaattttacagtttcatcccccgatgcatactaaattatcatcagtc 7296
 ttgtggtgctcaatattacaagttttccggttggacaaaaataattgcagGATGGAGCTGGCAATTTTGATTTGG 7372
 AAGGAGTTTGTTCCTCGCTTAAAGCAGAAGACCTTTGAAGAAATAAATGagtagggctcaaccctttaatgctct 7448
 tctctctgcttctttacaaaaaacgcatactataaaaaaggcttctggttattctttaactaaatttttaagt 7524
 actgtttctcagATATGGAATACTCTTCTTGAAGCACATTGCTGAAGAAATAGACGAGAAATTCICCAACCTTTTCA 7600
 Ggtgatcgataaattgataattttcactgtttgtgcttttccctaaatgagatcattgtcttctctgttaaccggtt 7676
 aaatgtattaataataatggtcggttgctctatagATGGTGTGCCCCAAGGAAGGACTTAGAATAGAAGATGTTCTAGTC 7752
 AGAATTGCTCTTCTGATAGTTCAGGAGAGgtgagtcatttgactttaattcttcaatttaagttctctcttta 7828
 tatctgagtttttttggatatatgttacttctagttctatagtttagctctgtacataagttttttaatacacagtaat 7904
 gtatgttcaaacctcactaagatttggatcccggttacttatgttttttgggtgctctgccccgacagTGAAAT 7980
 TTGTAGAAGATCATCCAGGGAAACCTGTTTCCCCCTCTCGCATCTTGAAAGATTCCTCCGGGACTGAGAAAGTGGA 8056
 AATTGGAGGAGGAACATGACAAGATAATGATACGTGCTGTTTTAAAGtatgaacctgcaccactgttcttacc 8132

【図 7】

gaatggttttatctcatcattctccattactgtctcacattttctcttctctctgaaatttgaatcttta 8208
ggcatgggtacggacggtaggcaagctattgttgatgacaaagagttggggatccaaagagcttattctgcaaaagaatt 8284
gaatttccctcacataagtttgctgctgctgaacaagctggttgcaggggcagaatggtagtgggggctctaat 8360
ccgggagcacagactaacagaaatcctggaaaggcttattactgggaacaaataatgcttctgctgatggggctcaag 8436
taaaactcgaatgttcttattatcgggacatgcagagacgacttggtagtttgtaaaaaggagttctgcttttggga 8512
gaaggcgatgaattatgaatcgcagaggaattatgatgtgtaccatctgcagtggttgacttactcacat 8588
gttttgcgtgaattgttaacttggattgaatctctgtgtgcagggacttgggtgcctcatctatccctactg 8664
aagaaccagaagctgaaccaaagatcgtgcacacagtgaggagtgagctttattgagggtgatgatgaatgcttga 8740
tggacttccctaagactgatccctatcagtaagttccatcacaaagttctttatttaacgagttgttgattctaatgt 8816
gagctctgaatctcgtgcagcttcagaagaaattatgggggctgctgttgacaaaccaaagcggggtcgaa 8892
atagctcaacattataaccaggtgaagctatgcttttcccttggtgtaggctaattgtctagaactagtatatca 8968
cactaatactctccggttattcagatgtgcaaaacttcttgatgagaacgctcgggaatcagtccaaagcatatgta 9044
aacaaccaaccacggagtaccaaggtgaatgagagcttccgtgcaactcaaatctatcaatggtaacattaacacaa 9120
tcctttcgattacatctgatcaatccaagtcacatgaagacgacaccaaagccagaccctaaacaatggttgagatgaa 9196
ggacacggccgaagaaacaaacccgttaagaggtggcgctcgatctgaaatgtggtggaggaggagagaacatt 9272
gctgaagctagtggaagtgttgatgtaaaaatggaagaagccaaagaagagagaaagccaaagaacatggtcgttg 9348
attga 9353

IAA14 変異遺伝子の塩基配列

【図 8】

ATGAACCTTAAGGAGACGGAGCTTIGTCTTGGCTCCCGGAGGCACTGAAACCGTTGAAAGTCGGCCAAAGTCGG 76
 GTGTGGGAACAAGAGAGGCTTCTCCGAGACCGTTGATCTCAAACCTTAATCTTCAATCTAACAACAAGGACATGT 152
 GGATCTCAACACTAATGGAGCTCCCAAGGAGAAGACCTTCCTTAAAGACCCCTTCTAAGCCCTCCTGCTAAGtaagtt 228
 ctattacacaattccttaagaagaagaccttccttaaaagggaagacttttttttttttgagataaaaag 304
 actaatagttgataataaagttcttaaaatacatatatataatgaaagatgtaaggatgcataagtaaacgttattg 380
 aatgtgtgtgtgtgttatattctatgcagAGCACAAAGTGGTGGCCATCGGTCGAGGAACCTACCGGAAAA 456
 ATGTTATGGCTAATCAGAAAGCGGCGAAGCAGAGGAGGCAATGAGTAGTGGTGAGGAACCGTCGCCCTTTGTGAA 532
 GGTITCCATGGATGGAGCTCCTTATCITTCGGAAGGTTGACCTCAAGATGTACACCAGCTACAAGGATCCTCTIGAT 608
 GCCTTGGCCAAAAATGTTCAGCTCCTTTACCATGGtatgcatttcagacatatataagtcgaattatcattattt 684
 tttgtgtttacttacaaattttttttaaagatacagtttttccatatatacgactaattaatatgataagtttt 760
 gggattttgattaaagGGAGTTATGGAGCACAAAGGATGATAGATTTCAATGAACGAGAGTAAAGTGTGGATC 836
 TGTGAACAGTCTTGAGTATGTTCCAAGCTACGAGGACAAAGATGGTGACTGGATGCTCGTTGGTGTGTCCTCCCTG 912
 GCCgtgagtttcctcattctctgtcttcattattatgacccaaaattattctcctaacaaaaaacaatatctc 988
 ctaaagcattattattgataattacttatcaaaaaatacacaaaatgataataatccatgtgtttataaaacag 1064
 cacagccatcttttggtggcatgggacagaaactcagagacagagaagatgtttatatataataactaactcatca 1140
 atatgttacctcattttagctggcacataattctttcactttcaatagatttctaaatttagtcaccaaacccaaat 1216
 cccgatttcagGATGTTTGTGAGTCAATGCAAACGTTTGGCATAATGAAGGATCGGAAGCAATTGGACTTGgta 1292
 agttttctctctgttcgtttctataaagtggctctttctgtttttcccaataatgctcgtgttttttttttcagCTC 1368
 CAAGAGCAATGGAGAAGTTCAAGAACAGATCAATGA 1403

【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 側根を形成しない植物の形質に影響を及ぼし、側根形成を人為的に制御可能にすることが期待される因子を提供すること。

【解決手段】 配列番号 2 に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質であって、側根形成を阻害する突然変異を維持する機能を有するタンパク質、および前記タンパク質をコードする遺伝子。

【選択図】 なし

出 願 人 履 歷 情 報

識別番号 [598169457]

1. 変更年月日	1998年12月 9日
[変更理由]	新規登録
住 所	奈良県生駒市高山町8916-5
氏 名	奈良先端科学技術大学院大学長